

Figure 1-

1187r 4

[illegible]

[illegible]

28/08

Copy 145

IBVXCP5	IBVADU	IBVIEPB	IBVADU2G	IBVADU3	IBVADU2	IBVADU1	IBVADU2	IBVADU3	IBVADU4	IBVADU5	IBVADU6	IBVADU7	IBVADU8	IBVADU9	IBVADU10	IBVADU11	IBVADU12	IBVADU13	IBVADU14	IBVADU15	IBVADU16	IBVADU17	IBVADU18	IBVADU19	IBVADU20	IBVADU21	IBVADU22	IBVADU23	IBVADU24	IBVADU25	IBVADU26	IBVADU27	IBVADU28	IBVADU29	IBVADU30	IBVADU31	IBVADU32	IBVADU33	IBVADU34	IBVADU35	IBVADU36	IBVADU37	IBVADU38	IBVADU39	IBVADU40	IBVADU41	IBVADU42	IBVADU43	IBVADU44	IBVADU45	IBVADU46	IBVADU47	IBVADU48	IBVADU49	IBVADU50	IBVADU51	IBVADU52	IBVADU53	IBVADU54	IBVADU55	IBVADU56	IBVADU57	IBVADU58	IBVADU59	IBVADU60	IBVADU61	IBVADU62	IBVADU63	IBVADU64	IBVADU65	IBVADU66	IBVADU67	IBVADU68	IBVADU69	IBVADU70	IBVADU71	IBVADU72	IBVADU73	IBVADU74	IBVADU75	IBVADU76	IBVADU77	IBVADU78	IBVADU79	IBVADU80	IBVADU81	IBVADU82	IBVADU83	IBVADU84	IBVADU85	IBVADU86	IBVADU87	IBVADU88	IBVADU89	IBVADU90	IBVADU91	IBVADU92	IBVADU93	IBVADU94	IBVADU95	IBVADU96	IBVADU97	IBVADU98	IBVADU99	IBVADU100																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																	
IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU	IBVADU

10/28

[illegible]

[illegible]

• 88

preCore promoter

[illegible]

[illegible]

16/28

	Start HB pol protein	
2251	IGAATATTTGGTCTCTTCGAGATGGATTCGACCTCCAGGCTATAGATCA	CCAA
HBVXCP5
HBVADW
HBVIEPB
S50225
HBVADUZUG
HBVADW3
HBVADW2
HBVADW1
HBVADW2
HBPCGADR
HBVADRH
HBVADRA
HBPCG
HBVAVTR
HBVADR
HBVADR4
HBVADRTIC
HBVADRC
HBVPREX
HBPEIHC
HBVBC
HBVCCIA
HBVATWICG
HBVATWIC
HBVATWIC1
HBVATWIC
HBVDIA
HBVIBVAA
XXIEPAV
HBVORFS
HBVBE4
HBVBBAS
HBVBF
HBVBFDOU
HBVADVKA
HBVADVKA

[illegible]

[illegible]

[illegible]

59

3001	AGGACTACTTCCACACGCAACCAAT	TAAGGATGAGACATTCGGCCAAAGCC	CACCCCTCCACACGGCGGTATTTGGGGTGGAGCCCTCAGGCTCAGGGCAATTTACCACACATGTCACCAATTCCTGCTCTGCTCCACCAAT
IBHVXCP5			
IBVADU			
IBVIEPB			
SS0225			
IBPBADV2CG			
IBPBADV3			
IBPBADVZ			
IBPBADV1			
IBPBADV2			
IBPBADV3			
IBPBADV4			
IBPBADV5			
IBPBADV6			
IBPBADV7			
IBPBADV8			
IBPBADV9			
IBPBADV10			
IBPBADV11			
IBPBADV12			
IBPBADV13			
IBPBADV14			
IBPBADV15			
IBPBADV16			
IBPBADV17			
IBPBADV18			
IBPBADV19			
IBPBADV20			
IBPBADV21			
IBPBADV22			
IBPBADV23			
IBPBADV24			
IBPBADV25			
IBPBADV26			
IBPBADV27			
IBPBADV28			
IBPBADV29			
IBPBADV30			
IBPBADV31			
IBPBADV32			
IBPBADV33			
IBPBADV34			
IBPBADV35			
IBPBADV36			
IBPBADV37			
IBPBADV38			
IBPBADV39			
IBPBADV40			
IBPBADV41			
IBPBADV42			
IBPBADV43			
IBPBADV44			
IBPBADV45			
IBPBADV46			
IBPBADV47			
IBPBADV48			
IBPBADV49			
IBPBADV50			
IBPBADV51			
IBPBADV52			
IBPBADV53			
IBPBADV54			
IBPBADV55			
IBPBADV56			
IBPBADV57			
IBPBADV58			
IBPBADV59			
IBPBADV60			
IBPBADV61			
IBPBADV62			
IBPBADV63			
IBPBADV64			
IBPBADV65			
IBPBADV66			
IBPBADV67			
IBPBADV68			
IBPBADV69			
IBPBADV70			
IBPBADV71			
IBPBADV72			
IBPBADV73			
IBPBADV74			
IBPBADV75			
IBPBADV76			
IBPBADV77			
IBPBADV78			
IBPBADV79			
IBPBADV80			
IBPBADV81			
IBPBADV82			
IBPBADV83			
IBPBADV84			
IBPBADV85			
IBPBADV86			
IBPBADV87			
IBPBADV88			
IBPBADV89			
IBPBADV90			
IBPBADV91			
IBPBADV92			
IBPBADV93			
IBPBADV94			
IBPBADV95			
IBPBADV96			
IBPBADV97			
IBPBADV98			
IBPBADV99			
IBPBADV100			

22/28

	Start IIIpres2Ag	LIPA Probe
IBVXCP5	CTGCAGTCAAGGAGGAGCCGACCTCCCATCTCTCCAGCTCAAGAGACAGT	ATGCAGTGG
IBVADU		
IBVIEPB		
S50225		
IPBADVZC6		
IPBADVJ3		
IPBADV2		
IPBADH1		
IPBADV2		
IPBCCADR		
IBVADRH		
IPBADRA		
IPBCG		
IBNVATR		
IBVADR		
IBVADR4		
IPBADR1C		
IPBADRC		
IBVPREX		
IPDETIC		
IBVBC		
IBVCCIA		
IBVATWICG		
IBVATWC		
IBVATWCI		
IBVATVE		
IBVDIA		
IPBIIBVAA		
XXIEPAV		
IBVOREF5		
IBVBE4		
IBVBBAS		
IBVBF		
IBVBTFOU		
IBVADU/A		

54

62

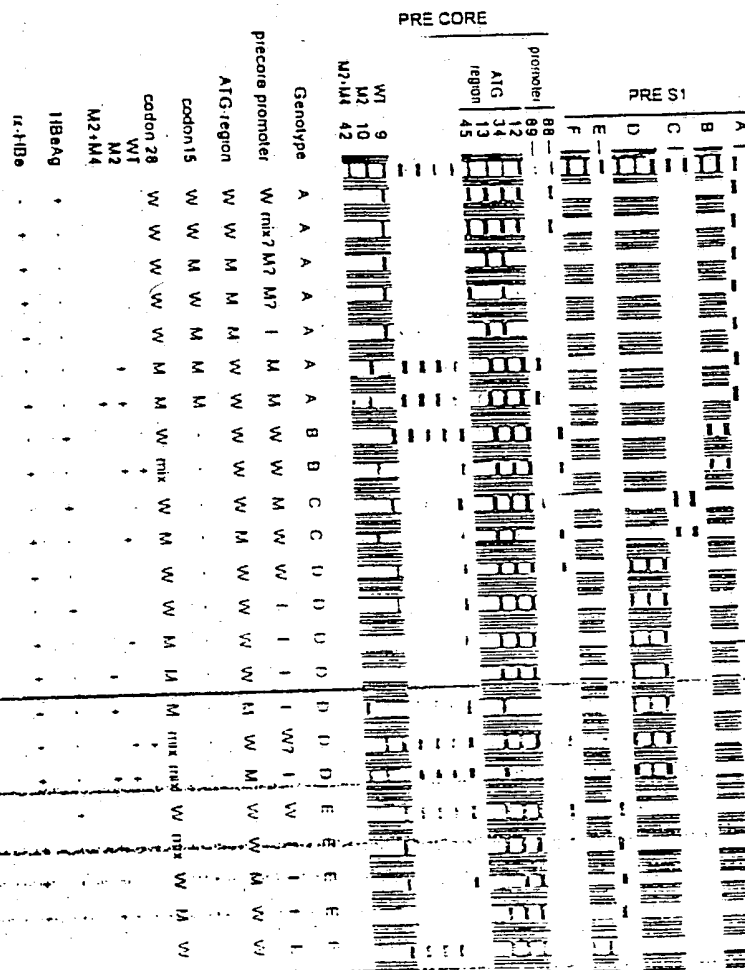
23/28

Figure 2: LiPA HBV design

LiPA line	Region	Purpose	HBPr	
			Probe number/SEQ ID NO	sequence
0		Pencil line		
1		biotinylated DNA		
2	PreS1	amol. contr.	33	CTGAGGGGCTCCACCCCA
3	PreS1	Genotype A	22	AACCTCGCAAAGGCAT
4	PreS1	Genotype A	50	CCCAGAGGGTTGGGAAC
	PreS1	Genotype A	15	GCCAGCAGCCAACCAG
5	PreS1	Genotype B	57	CTGCATTCAAAGCCAACT
	PreS1	Genotype B	58	CCCCATGGGGGACTGTTG
6	PreS1	Genotype B	59	CATACTCACAACGTGCGCA
7	PreS1	Genotype C	55	TTCAACCCCAACAAGGATC
8	PreS1	Genotype C	54	TCAGGAAGACAGCCTAC
9	PreS1	Genotype D	92	TTCTGCCCCATGCTGTA
10	PreS1	Genotype D	56	AATGCTCCAGCTCCTAC
11	PreS1	Genotype D	73	TTCCACCAGCAATCCTC
12	PreS1	Genotype E	60	GGGCTTTCTTGGACGGTCC
	PreS1	Genotype E	61	CTCTCGAATGGGGGAAGA
	PreS1	Genotype E	62	CCCTACCCCAATCACTCCA
	PreS1	Genotype F	63	AGCACCTCTCTCAACGACA
13	PreS1	Genotype F	64	GCAAATTCAGCAGTCCCG
14	PreS1	Genotype F	65	GCCAATGGCAAACAAGGTA
	PreS1	Genotype F		
15	preCore	promotor	88	TAGGTTAAAGGTCTTTGT
16	preCore	promotor	89	TAGGTTAATGATCTTTGT
17	preCore	scan codon -2 to +3	12	AAGTTGCATGGTGCTG
18	preCore	scan codon 1 to 5	34	ATGCAACTTTTTCACC
19	preCore	scan codon 5 to 9	13	CACCTCTGCCTAATCAT
20	preCore	scan codon 12 to 17	45	TGTACATGTCCCACTGTT
21	preCore	scan codon 12 to 17	46	TGTTTCATGTCTACTGTT
22	preCore	scan codon 16 to 20	47	ACTGTTCAAGCCTCCAAG
23	preCore	scan codon 19 to 23	48	GGCAGAGCTTGGAGGCTT
24	preCore	scan codon 23 to 27	49	AAAGCCACCCAAGGCACA
25	preCore	codon 28 wt	9	TGGCTTTGGGGCATGG
26	preCore	codon 28 mt	10	TGGCTTTAGGGCATGG
27	preCore	codon 28+29-mt	42	TGGCTTTAGGACATGGA

Figure 3

I = indeterminate, W = wild type, M = mutant



25/28

Figure 4

Genotyping in HBsAg

Genotype	Oligo	Sequence
A	HBPr 193	GGA TCA ACA ACA ACC AGT
	HBPr 140	CT CAA GGC AAC TCT ATG GG
	HBPr 77	CTA CGG ATG GAA ATT GC
B	HBPr 78	TAC GGA CGG AAA CTG C
C	HBPr 153	CT CTA CTT CCA GGA ACA G
	HBPr 154	C TGC ACG ATT CCT GCT
	HBPr 204	CT TTC GCA AGA TTC CTA TGG G
D	HBPr 165	AC TCT ATG TAT CCC TCC T
	HBPr 208	GC TGT ACC AAA CCT TCG GAT
	HBPr 172	G GGA CCC TGC CGA AC
E	HBPr 213	AG TGG TTC GCC GGG CTG G
	HBPr 216	CA GGA TCC ACG ACC ACC AGG
	HBPr 219	GC TGT TCC AAA CCC TCG GAG
F	HBPr 186	G CCA AAT CTG TGC AGC
	HBPr 148	CT TTC GCA AAA TAC CTA TG
	HBPr 80	CTT CGG ACG GAA ATT GC
A/B	HBPr 177	ATG TTG CTG TTC AAA ACC TG
C/D/E		
E/F		

Drug resistance in RT pol gene

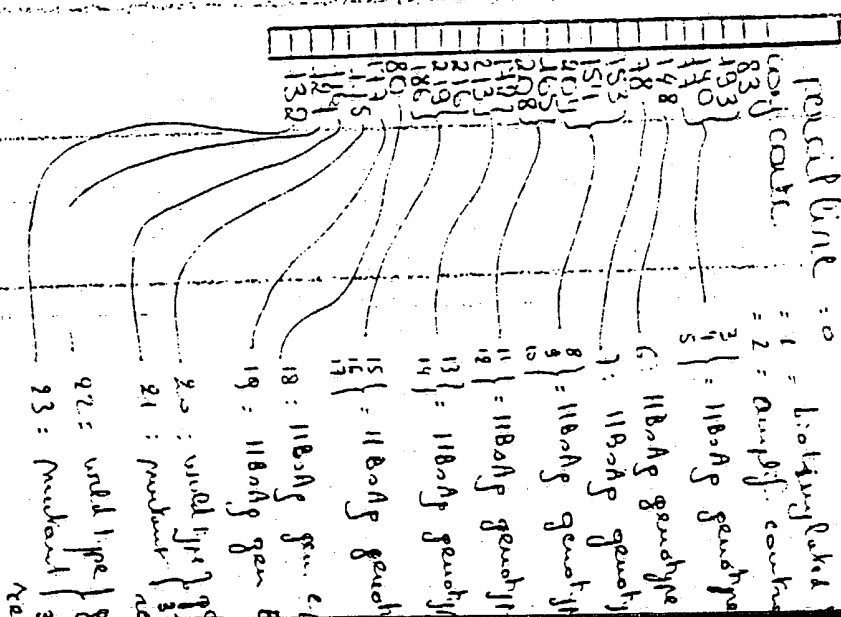
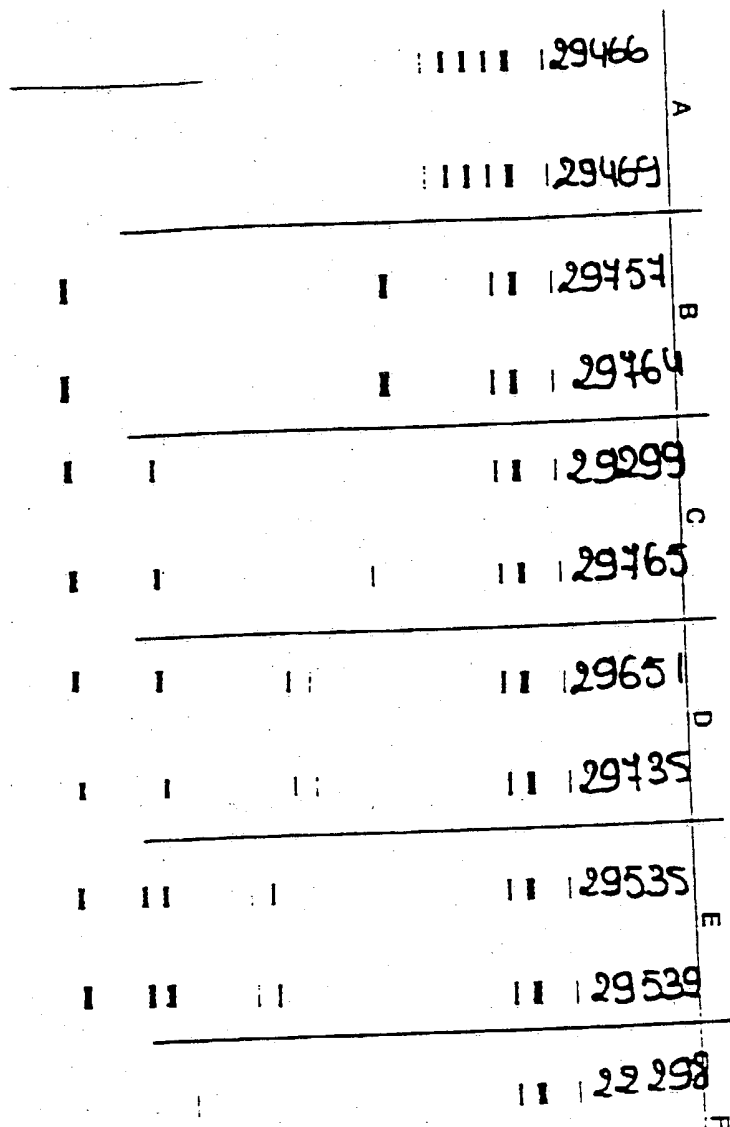
Genotype	Oligo	Sequence	
A	HBPr 115	TCA GCT ATA TGG ATG ATG	wild type
	HBPr 116	TTC AGC TAT GTG GAT GAT	mutant
D	HBPr 127	TC AGT TAT ATG GAT GAT G	wild type
	HBPr 132	T TTC AGT TAT GTG GAT GAT	mutant

PreCore region

Genotype	Oligo	Sequence	
	HBPr 88	TAG GTT AAA GGT CTT TGT	promoter wild type
	HBPr 89	TAG GTT AAT GAT CTT TGT	promoter mutant
	HBPr 119	TGG CTT TGG GGC ATG	wild type codon 28
	HBPr 10	TGG CTT TAG GGC ATG G	mutant M2 codon 28
	HBPr 122	TGG CTT TGG GAC ATG G	mutant M4 codon 29
	HBPr 42	TGG CTT TAG GAC ATG GA	mutant M2/M4 codon

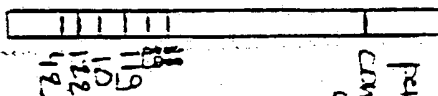
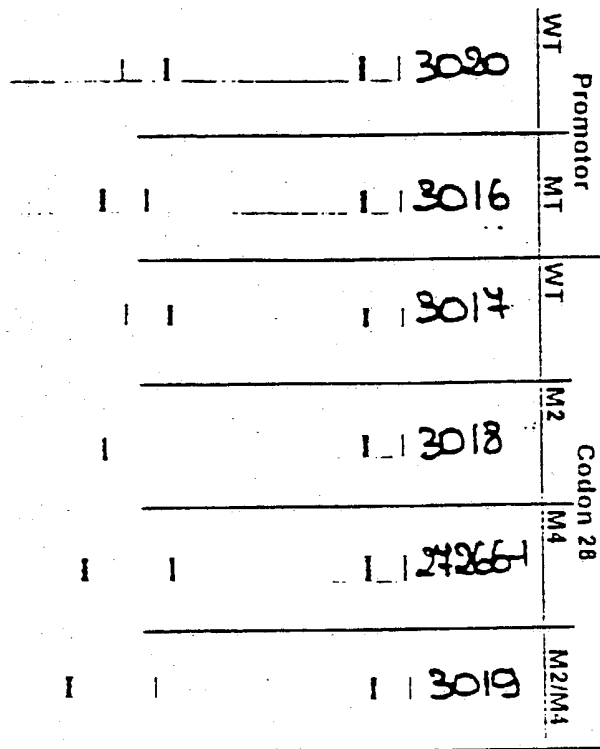
26/28

Figure 5



27/28

Figure 6



penicillin
conj. contr.

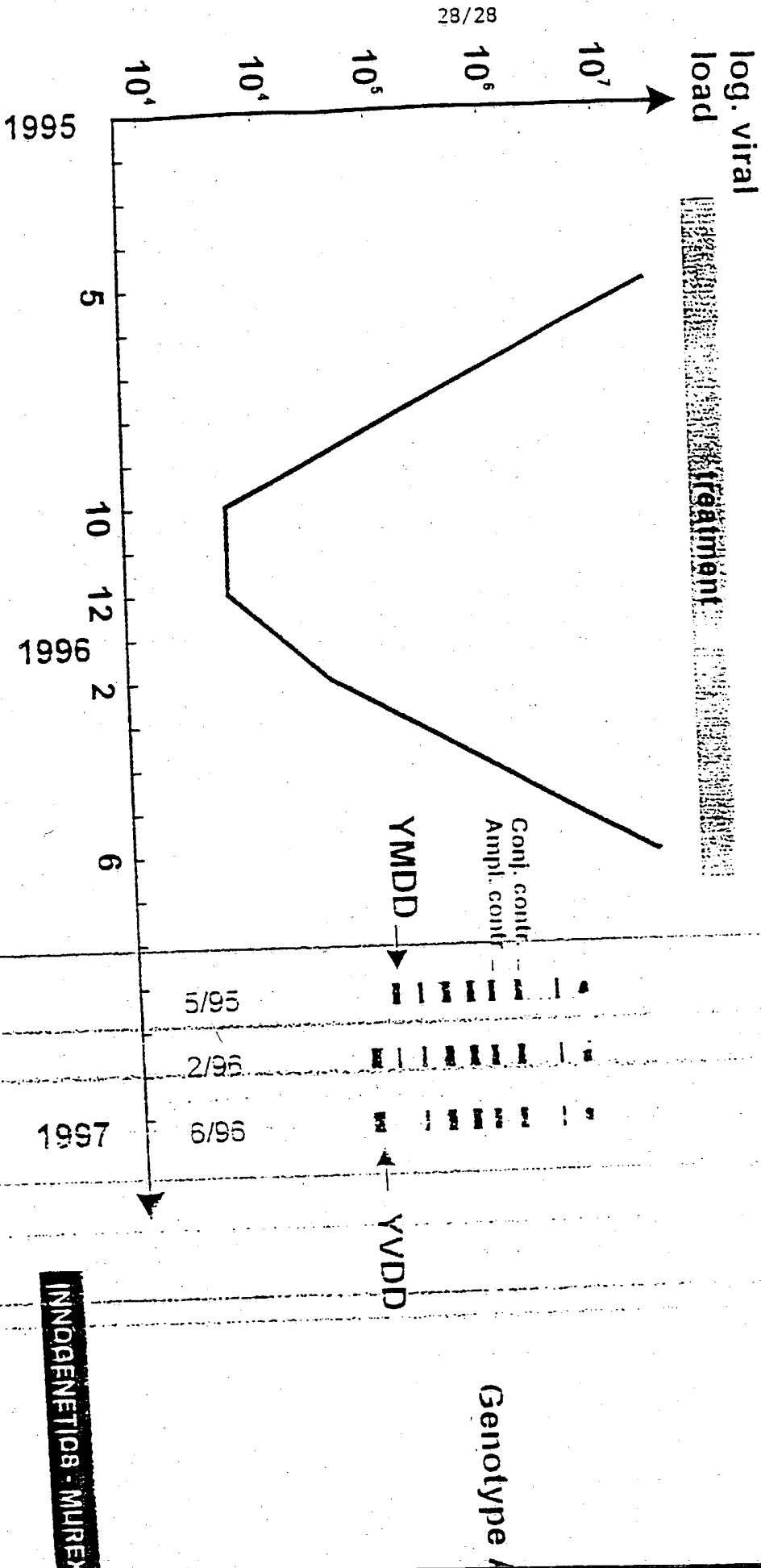
1. PA, Lima

Pencil Line
Girdling-kol Dr

[illegible]

Figure 7

HBV infected patient treated with lamivudine



INNOGENETICS - MUREX

Figure 1

SEQ ID

NO 1

```

279 AATTCCACTGCCTTCCACCAAGCTCTGCAGGATCCCAAAGTCAGGGGTCT
280 -----G-----G-----
281 -----A-C---G-----
282 -----G-----
283 -----A-T-----A-----G-----C--
284 --C---CA-G-----A---T-A-----G-----C--
285 --C---CA-G-----A---T-A-----G-----C--
286 --C---CA-T-----A---T-A-----G-----C--
287 --C---CA-T-----A---T-A-----GG-----CC--
288 --C---CA-A-T-----TC---TA-----G---G---C--
289 --C---CA-A-T-----TC---TA-----G---G---C--
290 --C---AA-A-----TA-----G---G---C--
291 --C---AA-A-----TA-----G---G---C--
292 --C---AA-A-----TA-----G---G---C--
293 -----AA-A-----TA-----G---G---C--
294 --C---AA-A-----TA-C---G---G---C--
295 --C---AA-A-----TA-C---G---G---C--
296 --C---AA-A-----G---TA-----G---G---C--
297 --C---AA-A-----TA---A-G---G---C--
298 --C---CA-A-----TA-----G---G---C--
299 --C---AA-A---A-----G-----TC--
300 --C---AA-A---A-----TA-----G---G---C--
301 -----AA-----A---A-A-----//////////
302 --C---AA-----A-----A-----G---G---A---C--
303 --C---AA-T-----A-----A-----G---G---A---C--
304 --C---AA-----A-----A-----G---G---A---C--
305 --C---AA-----A-----A---A-G---G---A---C--
306 --C---AA-----A-----A-----G---G---A---C--
307 --C---AA-----A-----A-----G---G---A---C--
308 --C---AA-T-----A-----A-----GG---G---A---C--
309 --C---AA-A-T-T-----G---A---A---C--
310 -----AA-A-----G---A---A---C--
311 --C-A---CA-----TT-----GG---A---CA--
312 --C-A---CA-----G---TT-----G-GG---A---CA--
313 --C-A---CCAG-----TT-----GG---A---C--

```

2/71

SEQ ID

NO 51

HBPr 4

279	GTATCTTCCTGCTGGTGGCTCCAGTTCAGGAACAGTAAACCCTGCTCCGA
280	-----
281	----T-----
282	-----
283	----T-----C-C-----T--A-
284	---CT-----T--A--
285	---CT-----T--A--
286	---CT-----G-----A--
287	---CT-----G-G-----A--
288	A---T-----C-----T-G--
289	A---T-----C-----T--
290	A---T-----C-----T--
291	A---T-----C-----T--
292	A---T-----C-----T--
293	A---T-----C-----T--
294	A---CT-----C-----T--
295	A---CT-----C-----T--
296	A-----C-----G-----T--
297	C---T-C-----C-----T--
298	A---T-----C-----T--
299	T---T-----C-----T--
300	A---T-----C-----T--
301	/////C-----T--
302	---T-C-----T--
303	A---T-C-----T--
304	---T-C-----T--T--
305	---T-C-----T--T--
306	---C-----T--
307	---T-C-----T--
308	---T-C-----T--
309	---T-----C-----G-----T--
310	---T-----C-----G-----T--
311	---T-----CAG-----
312	---T-----C-GCAG-----
313	---CT-C-----G-CAG-----

SEQ ID

NO 101

```

279 ATATTGCCTCTCACATCTCGTCAATCTCCGCGAGGACTGGGGACCCTGTG
280 -----
281 -----C-----
282 -----
283 C-----T-----T-----CA
284 -C-C-----TC--A-----TAT--C-----
285 -C-C--T---TC--A-----TAT--A-----
286 ---C--T---AGC--A-----TAT--A-----
287 ---C--T---GC--A-----TAT--A-----A
288 C--C-----A-C--A-----T-----CA
289 C--C-----A-C--A-----T-----CA
290 C--C--T---A-C--A-----T-T-----CA
291 C--C-----A-C--A-----T-T-----CA
292 C--C-----A-C--A-----T-T-----CA
293 C--C-----A-C--A-----T-T-----CA
294 C--C-----A-C--A-----T-----CA
295 C--C-----A-C--A-----T-T-----CA
296 C--C-----A-C--A-----T-T-----CA
297 C--C-----A-C--A-----T-T-----CA
298 C--C-----A-C--A-----T-T-----C-
299 C--C-----T--T-----T-T-----T-----A
300 C--C-----T--T-----T-T-----A
301 C--C--T-----A-----T-A-----T-----CA
302 C--C-----T-A-----T-T-----T-----C-
303 C--C-----C-T-A-----T-T-----T-----
304 C--C-----C-T-A-----T-----CA
305 C--C-----C-T-A-----
306 C--C--T-----C--A-----T-T-----T-----C-
307 C--C--T-----C--A-----T-T-----T-----C-
308 C--C-----C--A-----T-T-----T-----CA
309 C--C-----A-T-----T-T-----T-----CA
310 C--C-----A-T-----T-T-----T-----CA
311 C-----T--CA--A-----T--A-----G-----CT
312 C-----T--CA--A-----T--A-----G-----CT
313 C-----T--CA--A-----T-T--A-----G-----CT

```

SEQ NO	ID	Start HBsAg
279	ACGAACATCGAGAACATCACATCAGGATTCCTAGGACCCCTGCTCGTGTT	
280	----	T-----
281	----	-----C-----
282	----	-----
283	C----	-----
284	C----	-----G-----C-----
285	C----	-----G-----C-----
286	C----	-----G-----C-----
287	C----	-----G-----C-----
288	C----	-----G-CA-----
289	C----	-----G-CA-----
290	C----	-----G-CA-----
291	C----	-----G-CA-----
292	C----	-----G-CA-----
293	C----	-----CA-----
294	C----	-----CA-----
295	C----	-----CA-----
296	C----	-----CA-----
297	C----	-----G-CA-----
298	C----	-----CA-----
299	----	-----CA-----
300	----	-----CA-----
301	CT----	-----
302	CT----	-----T-----
303	----	T-----
304	CT----	-----
305	----	T-----
306	CT----	-----
307	CT----	-----
308	CT----	-----
309	C----	-----A-G-----
310	C----	-----A-G-----
311	-T----	-----C-----G-----
312	-T----	-----C-----C-----
313	-T----	-----C-----T-----C-----

5/71

SEQ ID

NO 201

279 ACAGGCGGGGTTTTCTTGTTGACAAGAATCCTCACAATACCGCAGAGTC
280 -----
281 -----
282 -----C-----
283 -----
284 -----C-----A-----T-T-----
285 -----A-----A-----
286 -----A-----A-----
287 -----A-----A-----
288 -----A-----
289 -----A-----
290 -----A-----
291 -----A-----
292 -----A-----
293 -----A-----
294 -----A-----
295 -----A-----
296 -----A-----
297 -----A-----
298 -----A-----
299 -----A-----A-----
300 -----A-----
301 -----
302 -----
303 -----
304 -----
305 -G-----A-----A-----
306 -----A-----A-----
307 -----
308 -----
309 -----A-----
310 -----A-----
311 -----T-G-----A-----A-----
312 -----T-G-----A-----A-----
313 -----T-G-----A-----A-----

6/71

SEQ ID
NO 251

```
279 TAGACTCGTGGTGGACTTCTCTCAATTTTCTAGGGGGGTCACCCGTGTGT
280 -----A-----
281 -----A-----
282 -----C
283 -----AG-----
284 -----AAA-----
285 -----AA-----
286 -----AA-----
287 -----AA-----
288 -----AG-----AC-----
289 -----AG-----AC-----
290 -----AG-----AC-----
291 -----AG-----AC-----
292 -----AG-----AC-----
293 -----AG-----AC-----
294 -----AG-----AC-----
295 --C-----CAG-----AC-----
296 -----AG-----AC-----
297 -----T-----AA-----AA-----
298 -----///-----AG-----AC-----
299 -----AG-----
300 -----G-----AAG-----AAG-----
301 -----AA-TA-----
302 -----AA-TA-----
303 -----G-----AA-TA-----
304 -----AA-TA-----
305 -----AA-TA-----
306 -----AA-CA-----
307 -----AA-TA-----
308 -----AA-CA-----
309 -----AG-T-----
310 -----AG-T-----
311 -----ACT-----AG-----
312 -----ACT-----G-----
313 -----ACT-----G-----
```

7/71

SEQ ID

NO 301

279 CTTGGCCAAAATTTCGCAGTCCCCAACCTCCAATCACTCACCAACCTCCTG

280 -----

281 -----GA-----

282 -----

283 -----

284 -----A-T-----G-----T-GT--

285 -----A-T-----G-----T-GT--

286 -----A-T-----G-----GT--

287 -----A-T-----G-----GT--

288 -C-----T--

289 -C-----T--

290 -C-----T--

291 -C-----T--

292 -C-----T--

293 -C-----T--

294 -C-----T--

295 -----T--

296 -C----C-----T--

297 -C-----T--

298 -C-----T--

299 -C-----T--

300 -C-----T--

301 -----

302 -----

303 -----

304 -----T--

305 -----C-----

306 -----

307 -----

308 -----

309 -----T--

310 -----G-----T--

311 -C-----T--

312 -C-----T--

313 -C-----T--

8/71

SEQ ID

NO 351

279 TCCTCCAATTTGTCCTGGTTATCGCTGGATGTGTCTGCGGCGTTTTATCA

280 -----

281 -----

282 -----

283 -----

284 -----G-----

285 -----G-----

286 -----

287 -----

288 -----C-----

289 -----C-----

290 -----

291 -----C-----

292 -----C-----C-----

293 -----C-----C-----

294 -----C-----C-----

295 -----T-----

296 -----C-----

297 -----C-----C-----

298 -----C-----

299 -----C-----

300 -----C-----

301 -----C-----

302 -----C-----

303 -----C-----G-----

304 -----C-----

305 -----

306 -----C-----

307 -----C-----

308 -----C-----

309 -----C-----

310 -----C-----

311 -----C-----C-----T-----

312 -----C-----C-----T-----

313 -----C-----C-----T-----

9/71

SEQ ID

NO 401

279 TATTCCTCTTCATCCTGCTGCTATGCCTCATCTTCTTGTTGGTTCTTCTG
280 -----A-----
281 -----A-----
282 -----A-----
283 -----A-----
284 -C-----G-----
285 -C-----G-----
286 -C-----G-----
287 -C-----G-----
288 -----
289 -----
290 -----
291 -----
292 -----
293 -----
294 -----
295 -----
296 -----
297 -----
298 -----C-----
299 -C-----
300 -C-----
301 -C-----
302 -C-----
303 -C-----
304 -C-----
305 -----
306 -C-----
307 -C-----
308 -C-----T-----A-----
309 -C-----
310 -C-----
311 -C-----
312 -C-----
313 -C-----

10/71

SEQ ID

NO 451

HBPr75

279 GATTATCAAGGTATGTTGCCCGTTTGTCCCTCTAATTCCAGGATCAACAAC
280 -----
281 -----T-----
282 -----A-----
283 -----
284 --C-----T-----
285 --C-----T-----
286 --C-----T-----
287 --C-----T-----
288 --C-C-----C-----A-T-----
289 --C-C-----C-----A-T-----
290 --C-C-----C-----A-T-----
291 --C-C-----C-----A-T-----
292 --C-C-----C-----A-T-----
293 --C-C-----C-----A-T-----
294 --C-C-----C-----A-T-----
295 --C-C-----T-T-----C-----A-A-T-----
296 --C-C-----C-----A-T-----
297 --C-CA-----C-----A-T-----
298 --C-C-----C-----A-T-----
299 --C-C-----C-----A-T-----
300 --C-C-----C-----A-T-----
301 --C-----TT-----
302 --C-----CT-----
303 --G-----A-----A-----
304 --C-----TT-----
305 --C-----TA-TT-----
306 --C-----G-----TT-----
307 --C-----TT-----
308 --C-----G-----TT-----
309 --C-----T-----
310 --C-----T-----
311 --C-C-----C-----C-G-----
312 --C-----T-G-----
313 --C-----C-G-----

11/71

SEQ ID

NO 501

279 AACCAGTACGGGACCATGCAAAACCTGCACGACTCCTGCTCAAGGCAACT

280 -----¹⁹³-----
281 -----
282 -----
283 -----C-----C-----
284 C-----C-A-----A-C-
285 C-----C-C-----A-C-
286 C-----C-----G-----A-----A-C-
287 -----C-C-----A-----¹⁵⁴-----A-C-
288 C-----C-----G-----T-----A-C-
289 C-----C-----G-----T-----A-C-
290 T-----C-----G-----T-----A-C-
291 T-----C-----G-----T-----A-C-
292 T-----C-----G-----T-----A-C-
293 C-----C-----G-----G-----T-----A-C-
294 T-----C-----G-----T-----A-C-
295 T-----C-----G-----T-----A-C-
296 T-----C-----G-----T-----A-C-
297 T-----C-----G-----T-----AA-C-
298 T-----C-----G-----T-----A-C-
299 T-----C-----G-----T-----A-C-
300 T-----C-----G-----T-----A-C-
301 C-----C-----GG-----
302 C-----C-----CG-----A-C-
303 -----
304 -----C-----G-----A-C-
305 -----C-----G-----A-C-
306 C-----C-----G-----A-C-
307 T-----C-----G-----A-C-
308 C-----CG-----G-----A-----A-C-
309 C-----C-----C-----CG-----¹⁷²-----T-----T-----A-C-
310 C-----C-----C-----CG-----T-----A-C-
311 ²¹⁶-----C-----AG-----T-----A-C-
312 C-----C-----A-----T-----A-C-
313 C-----C-----C-----A-----T-----A-----A-C-

12/71

SEQ ID

NO 551

codon 145

279 CTATGTTTCCCTCATGTTGCTGTACAAAACCTACGGATGGAAATTGCACC

280 ---A--- 140

281 ---T---

282 ---T---

283 ---T---

284 ---T---

285 ---T---

286 ---T---

287 ---T---

288 ---T---

289 ---T---

290 ---T---

291 ---T---

292 ---T---

293 ---T---

294 ---T---

295 ---T---

296 ---T---

297 ---T---

398 ---T---

399 ---T---

300 ---T---

301 ---A---C--- 165

302 ---A---C--- 208

303 ---A---C--- 80

304 ---A---C--- 177

305 ---A---C--- 219

306 ---A---C--- 279

307 ---A---C--- 313

308 ---A---C--- 313

309 ---A---C--- 313

310 ---A---C--- 313

311 ---A---C--- 313

312 ---A---C--- 313

313 ---A---C--- 313

13/71

SEQ ID

NO 601

codon 514

codon 521

279 TGTATTCCCATCCCATCGTCCTGGGCTTTTCGCAAAATACCTATGGGAGTG

280 -----

281 -----T-----

282 -----148-----C-----

283 -----A-T-----

284 -----A-T-----

285 -----A-T-----

286 -----A-T-----

287 -----A-T-----204-----

288 -----A-----G-T-----G-----

289 -----A-----G-T-----G-----

290 -----A-----G-T-----

291 -----A-----G-T-----

292 -----A-----G-T-----

293 -----A-----G-T-----

294 -----A-----G-T-----G-----

295 -----A-T-----G-T-----

296 -----A-----G-T-----

297 -----A-----G-T-----

298 -----G-A-T-----G-T-----

299 -----A-----T-G-T-----

300 -----A-----T-G-T-----

301 -----A-T-----G-----T-----

302 -----A-----G-----T-----

303 -----T-----

304 -----A-T-----G-----T-----

305 -----A-T-----G-----T-----C-----

306 -----A-----G-----T-----

307 -----A-----G-----T-----

308 -----A-----G-----T-----

309 -----A-A-----G-----T-----

310 -----A-A-----G-----T-----

311 -----A-T-----A-G-----

312 -----A-T-----A-G-----

313 -----A-----A-G-----

14/71

SEQ ID

NO 651

codon 525 codon 528

279 GGCCTCAGTCCGTTTCTCTTGCTCAGTTTACTAGTGCCATTGTTTCAGT

280 -----

281 -----

282 -----

283 -----

284 -----

285 -----

286 -----

287 -----

288 -----C-----

289 -----C-----

290 -----C-----

291 -----C-----

292 -----C-----

293 -----C-----

294 -----C-----

295 -----C-----

296 -----C-----

297 -----C-----

298 -----C-----C-----

299 -----C-----C-----

300 -----C-----C-----

301 -----C-----C-----

302 -----C-----C-----

303 -----C-----C-----

304 -----C-----C-----

305 -----C-----C-----

306 -----C-----C-----

307 -----C-----C-----

308 -----C-----C-----

309 -----C-----C-----

310 -----C-----C-----

311 -----C-----C-----A-----

312 -----C-----C-----A-----

313 -----C-----C-----A-----

15/71

SEQ ID

NO 701

HBPr 76

codon 552

279	GGTTCGTAGGGCTTTCCCCCACTGTTTGGCTTTCAGCTATATGGATGATG	95
280	-----	116 96
281	-----	-----
282	-----	97 T 115
283	-----	-----
284	-----C-----	-----T-----98
285	-----C-----	-----T-----
286	-----C-----	-----T-----
287	-----C-----	-----T-----A
288	-----	-----T-----
289	-----	-----T-----
290	-----C-----	-----T-----
291	-----C-----	-----T-----
292	-----	-----
293	-----	-----T-----99
294	-----	-----T-----
295	-----	-----T-----
296	-----	-----T-----
297	---CT-C-----	-----T-----C-----
298	-----C-----	-----T-----
299	-----	-----T-----
300	-----	-----T-----
301	-----	-----T-----127
202	-----	-----T-----
203	-----	-----
204	-----	-----T-----132
205	-----	G-----
206	-----	-----T-----T-----
207	-----	-----T-----
308	-----	-----T-----
309	-----CC-----213	-----C-----T-----
310	-----CC-----	-----C-----T-----100
311	---G-----	-----C-----T-----T-----C
312	---G-----	-----C-----T-----T-----C
313	---G---C-----	-----T-----T-----C

16/71

SEQ ID

NO 751

HBPr 94

279	TGGTATTGGGGGCCAAGACTGTACAGCATCGTGAGTCCCTTTATACCGCT
280	-----T-----
281	-----T-----T-----
282	-----T-----G-----
283	---C-----T-----A-----T-----
284	---T-----T-----A-----T-----G-----
285	---T-----T-----A-----T-----G-----
286	-----T-----A-----T-----G-----
287	---T-----T-----A-----T-----G-----
288	-----T-----A-----T-----T-----T-----
289	-----T-----A-----T-----T-----T-----
290	-----T-----A-----T-----T-----T-----
291	-----T-----A-----T-----T-----T-----
292	-----T-----A-----T-----T-----T-----
293	-----T-----A-----T-----T-----T-----
294	-----T-----A-----T-----T-----T-----
295	-----T-----A-----T-----T-----T-----
296	-----T-----A-----T-----T-----T-----
297	-----T-----A-----T-----T-----T-----
298	-----T-----A-----T-----T-----T-----
299	-----T-----A-----T-----T-----T-----
300	-----T-----A-----T-----T-----T-----
301	-----T-----T-----T-----T-----
302	-----T-----T-----T-----T-----
303	-----T-----T-----T-----T-----
304	-----T-----T-----T-----T-----
305	-----T-----
306	-----A-----T-----C-----T-----T-----
307	-----T-----T-----T-----T-----
308	-----T-----T-----T-----T-----
309	-----T-----GA-----T-----T-----
310	-----T-----A-----T-----T-----
311	-----AT-----G-----T-----
312	-----A-----AT-----G-----T-----
313	-----AT-----G-----T-----

17/71

SEQ ID		End of HBsAg
NO 801		
279	GTTACCAATTTTCTTTTGTCTCTGGGTATACATTTAAACCCTAACAAAAC	
280	-----	
281	-----	
282	-----	
283	-----T-----	
284	-----T-----C-G-----	
285	-----T-----C-G-----	
286	-----T-----	
287	-----T-----C-----	
288	A-----T-----G-----T-----	
289	A-----T-----G-----T-----	
290	A-----T-----G-----T-----	
291	A-----T-----G-----T-----	
292	A-----T-----G-----T-----	
293	A-----T-----	
294	A-----T-----	
295	A-----T-----G-----C-T-----	
296	A-----T-----G-----C-T-----	
297	A-----A-G-----T-----C-----G-----T-----	
298	A-----G-----T-----G-----T-----	
299	A-----T-----	
300	A-----T-----G-----T-G-----	
301	-----T-----C-----	
302	-----T-----	
303	-----T-----	
304	-----	
305	-----	
306	-----T-----C-----	
307	-----C-----T-----	
308	-----T-----	
309	-----T-----T-C-----	
310	-----T-----T-C-----	
311	-----G-A-G-----C-----TA-GCT-----	
312	-----G-A-G-----C-----G-----TA-CTCT-----	
313	-----G-A-G-----C-----TA-CTCT-----	

SEQ ID

NO 851

```

279 AAAAAGATGGGGTTATTCCCTAAACTTCATGGTCTACATAATTGGAAGTT
280 -----G-----
281 -----GT--TG-----
282 -----GT---G-----
283 ---G-----G--T-----GT--TG-----
284 -----C--C----T-----GG--TG-----
285 -----C--C----C-----GG--TG-----
286 -----A-----T-----GA--TG-----G-----
287 -----A-----T-----GA--TG-----G--C-----
288 C---C-T----C--C----T-----GA--TG-----C-----
289 C---C-T----C--C----T-----GA--TG-----C-----
290 C---C-T----C--C----T-----GA--TG-----
291 C---C-T----C--C----T-----GA--TG-----
292 C---C-T----C--C----T-----GA--TG-----
293 C---C-T----C--C----T-----GA--TG-----
294 C---C-T----C--C----T-----GA--TG-----T-----
295 C---C-T----C-----T--T-----GA--TG-----T-----
296 C---C-T----C--C----T-----GA--TG-----
297 C--GC-T----C--C----T-----GA--TG-----
298 C---C-T----C--C----T-----GA--TG-----
299 C-----C-----T-----G--TG-----
300 C-----C-----T-----G--TG-----
301 -----C--TT--C-----G--TG-C-----T-----
302 ---G-----C--T-----T--T-----G--TG-C-----T-----
303 ---G-----C--TT--C-T-----G--TG-C-----T-----
304 -----GT-----
305 -----GT-----
306 -----C--TT--C-T--T-----G--TG-C-----T-----
307 -----C--TT--C-T-----G--TG-C-----T-----
308 T--G-----C--TT--C-T-----G--TG-C-----
309 -----A-----T-----GT--TG-----
310 -----C-----T--T-----GT--TG-----
311 -----CAA---C-T-----GT--TG-T-----T-----
312 -----CAATT--C-T-----GT--TG-C-----C-----
313 -----C-----C-T--T-----GT--TG-C-----T-----

```

19/71

SEQ ID

NO 901

279 GGGGAACATTGCCACAGGATCATATTGTACAAAAGATCAAACACTGTTTT
280 -----T-----
281 -----A-----
282 -----C-----
283 -----A-----
284 ---G-C-A-C-A-A-----GTTG-A-----A-----
285 ---C-C-A-C-A-A-----GTTG-AC-----A-C-----
286 ---C---G-----CT-----TA-----
287 ---C-----A-----A-----ATG-G-----
288 ---T-T-A-G-A-A-----T-A---G-A-----
289 ---T-T-A-G-A-A-----T-A---G-A-----
290 ---T-T-A-----A-----TT-AC---G-A-----
291 ---T-T-A-----A-----TT-AC---G-A-----
292 ---T-T-A-G---A-----AC---G-A-----
293 ---T-T-A-G---A-----T-AC---G-A-----
294 ---T-T-A-G-A-A-----T-A---G-A-----
295 ---T-T-A-G-A-A-----T-A---G-A-----
296 ---T-T-A-----A-----T-A---G-A-----
297 ---T-T-A---A-A-----AC---G-A-----
298 ---T-G-A-----A-----A---G-A-----
299 ---T-C-A---A-A-----T-A---C-A-----
300 ---T-C-A---A-A-----T-A---A-----
301 AT-GT-----A---C-CAG---G-A---G-A-----
302 AT-GT-C-----A-A-C-CA-----A---G-A-----
303 AT-GT-C-----A-A-C-CA-----A---G-A-----
304 -----G-----A-----G-A-----
305 -----G-----
306 AT-GT-T-----A---C-CA---G-A---G-A-----
307 AT-GT-----A---C-CA---G-A---G-A-C-----
308 AT-GT-----A---C-CA---G-A---G-A-----
309 ---GT---A-----A-C-CA-----A-----
310 ---CT---A-----A-C-CA-----A---G-----
311 ---G-A-C-A-----C-A---G-T-----
312 ---G---A-C-A-----C-A---G-A-----
313 ---T---A-C-A---C-----C-A---GG-A-C-----

20/71

SEQ ID

NO 951

279 AGAAAACTTCCTGTAAACAGGCCTATTGATTGGAAAGTATGTCAAAGAAT
280 -----
281 -----
282 -----G-----
283 -----TC-A-----G-C-
284 --G-----A-----C-
285 -----A---A-----G-G---C-
286 -----A-----T---C-
287 --G-----A-----C-
288 C-G---G---A-T-A-----C-----
289 C-G---G---A-T-A-----C-----
290 C---G---A-T-A-----
291 C-G---G---A-T-A-----
292 C---T-G---A-T-A-----
293 C---T-G---A-T-C-----
294 C---G---A-T-A-----G-C-
295 C---G---A-T-A-----G-----
296 C-G-G-G---A-T-A-----G-
297 C---G---C-T-A-----G-----
298 C-G---G---A-T-A-----
299 C-----T-----G-----
300 C-----A-T-----G-C-C-----
301 -----GC---C-----
302 -----C-----
303 -----G-----C-----
304 -----G-C-----
305 -----C---C-T-----
306 -----C---C-T-----
307 -----C---C-T-----
308 -----A-----C---G-----
309 G---C---C-----
310 -----C---C-----
311 C---G---A-TC-C-A-----T-----T-
312 C---G---A-TC-T-A---C-----T---C-T-
313 C---G---A-TC-T-A-----T---C-C-

21/71

SEQ ID

NO 1001

279 TGTGGGTCTTTTGGGCTTTGCTGCTCCATTTACTCAATGTGGATATCCTG

280 -----A-----
281 -----T-----A-----
282 -----T-----A-----
283 --A-----A-----C-----A-----T-C-----
284 -----A-----T-C-A-----
285 -----A-----T-C-A-----T-----
286 -----G-----C-T-----G-----
287 -----G-----C-C-T-C-G-----
288 -----C-T-----A-----C-----
289 -----C-T-----A-----C-----
290 -----C-T-----A-----C-----
291 -----C-T-----A-----C-----
292 -----C-T-----A-----C-----
293 -----C-T-----A-----C-C-----
294 -----C-T-----A-----C-----
295 -----C-T-----A-----C-----
296 -----C-T-----A-----C-----
297 -----A-----C-T-----A-----C-----
298 -----C-T-----A-----T-----
299 -----C-T-----A-----G-----
300 -----A-----C-T-----A-----
301 -----T-A-----T-----C-T-----A-----T-----
302 -----T-----C-T-----T-----
303 -----A-T-----C-T-C-A-----T-----
304 -----A-----
305 -----T-----A-----T-----
306 -----A-----T-----A-----T-----
307 -----T-----C-T-----A-----T-----
308 -----T-----C-T-----A-----T-----
309 -----C-T-----A-----G-----
310 -----C-C-----A-----
311 -----G-C-T-----C-----T-----
312 -----A-----T-----C-----T-----
313 A-----C-T-C-C-----C-T-----

22/71

SEQ ID

NO 1051

```
279 CCTTAATGCCTTTGTATGCATGTATACAAGCTAAACAGGCTTTCACCTTC
280 -----
281 -----C-----
282 -----T-----
283 -A-----G-----T-----
284 -T-----A-----T-----T
285 -T-----A-----T-----T
286 -T-----A-----A-----T-----
287 -T-----A-----A-----T-----
288 -----A-----T-----G-----
289 -----A-----T-----G-----
290 ---G-----T-----G-----
291 ---G-----A-----T-----G-----
292 ---G-----A-----T-----G-----
293 ---G-----A-----T-----G-----
294 -----A-----T-----G-----
295 ---G-----A-----T-----G-A-----
296 ---G-----A-----T-----G-----
297 ---G-----A---C-----T-----G-----
298 ---G-----A-----G-----T-----
299 -----C-----C-----T-----G-----
300 -----T-----G-A-----T-----
301 -G-G-----T-T-----G-----
302 -T-----C-----T-T-----G-----
303 -T-----C-----T-T-TT-----G-----
304 -----C-----
305 -----C-----
306 -T-----C-----T-T-----G-----
307 -T-----T-GT-G-G-----T-----
308 -T-----C-----C-----T-T-----
309 -T-----C---A-G-----T-T-----G-----
310 -T-----C-----CT-T-----G-----
311 -TC-C-----C-----TACT-----TGTC---
312 -TC-C-----C---AAC-----CACT-G-----TGTC--T
313 -TC-C-----C-----C-----TACT-----TGTC---
```

23/71

SEQ ID

NO 1101

279 TCGCCAACTTACAAGGCCTTTCTAAGTAAACAGTACATGAACCTTTACCC

280 -----

281 -----

282 -----C-----

283 -----T-----

284 -----G-T-----AC-----A-TC-----

285 -----G-T-----CC-----A-TC-----

286 -----C-----T---C-----

287 -----C-----TC-----

288 -----GT-----A-TC-C-----

289 -----GT-----A-TC-C-----

290 -----T-----GT-C---A--C-C-----

291 -----T-----GT-C---A--C-C-----

292 -----GT-----A-TC-A-----

293 -----T-----GT-----A-TC-----

294 -----GT-----A-TC-----

295 -----GT-----A-TC-----

296 -----GT-----A-TC-C-----

297 -----GT-----A-TC-----

298 ---T-----GT-----A-TC-C-----

299 -----T-----GT-----A-TC-----

300 ---T-----A-----GT-----A-TC-----

301 -----GT-----A--C-----

302 -----GT-----A--C-----

303 -----GT-----A--C-----

304 -----

305 -----

306 -----GT-----A--C-----

307 -----GT-----A--C-----

308 -----GT-----A--C-----

309 -----GT-----A--C-----

310 -----GT-----A--C-----

311 -----GT-----A-----

312 -----CT-----

313 -----C-----GT-----A-----

24/71

SEQ ID

NO 1151

```
279 CGTTGCTCGGCAACGGCCTGGTCTGTGCCAAGTGTTTGCTGACGCAACCC
280 -----
281 -----A-----T-----
282 -----
283 -----C-----
284 -----A-----
285 -----A-----
286 -----
287 -----A-----
288 -----C-----G-AC-G--C///-C-----A-----
289 -----C-----G-AC-G--C///-C-----A-----
290 -----C-----T-A-----C-----
291 -----C-----T-A-----C-----G-----
292 -----C-----T-A-----C-----
293 -----C-----T-A-----C-----
294 -----C-----T-A-----C-----
295 -----C-----T-A-----C-----
296 -----C-----T-A-----C-----
297 -----C-----T-A--C--C-----T-----
298 -----C-----T-A-----C-----
299 -----C-----T-----T-----
300 -----C-----T-----C-----
301 -----C-----A-----
302 -----CG-----A-----A-----
303 -----C-----A-----A-----
304 -----
305 -----
306 -----C-----C--A-----
307 -----C-----A-----
308 -----A-----A-----
309 -----C-----A-----T-----
310 -----C-----A-----T-----
311 -----A--C-----
312 -----A--C-----
313 G-----A--C-----
```

25/71

SEQ ID

NO 1201

```
279 CCACTGGCTGGGGCTTGGCCATAGGCCATCAGCGCATGCGTGGAACCTTT
280 -----A-----
281 -----C-----
282 -----A-----
283 -----C-----A-----
284 -----G-----
285 -----
286 -----T-----
287 -----T-----
288 -----A-----G-----
289 -----A-----G-----
290 -----A-----G-----
291 -----A-----G-----
292 -----G-T-----G-----
293 -----A-----G-----
294 -----A-----T-C-----AGC-----C-/-
295 -----A-----T-T-----GC-----
296 -----A-----T-----ATC-G-----
297 -----A-----T-----
298 -----A-----G-----
299 -----G-----
300 -----T-A-----
301 -----T-G-----
302 -----T-G-----
303 -----GT-G-----
304 -----A-A-----A-----
305 -----ATAG-----
306 -----T-G-----
307 -----T-G-----
308 -----T-G-----
309 -----AT-----C-----
310 -----AT-----C-----
311 -----
312 -----T-----T-----
313 -----T-----T-----
```

26/71

SEQ ID

NO 1251

279 GTGGCTCCTCTGCCGATCCATACTGCGGAACTCCTAGCCGCTTGTTTTGC

280 -----

281 -----

282 -----

283 -----A-----

284 ---T-----T-----A-----

285 ---T-----

286 ---T-----

287 ---T-----

288 -----A-----

289 -----A-----

290 ----T-----A-----

291 -----A-----

292 -----A-----

293 -----A-----

294 -----A-----

295 -----G-A-C-----

296 -----A-----

297 -----A-----

298 -----A-----

299 -----G-----

300 -----A-----

301 CG-----

302 TC-----

303 TC-----C-----

304 -----

305 -A-----

306 CA-----

307 C-----G-----

308 C-----

309 -----

310 -----

311 -----T-A-----C-C-----

312 -----T-A-----C-C-----

313 -----A-----C-----

27/71

SEQ ID

NO 1301

279 TCGCAGCCGGTCTGGAGCAAAGCTCATCGGAACTGACAATTCTGTCGTCC
280 -----
281 -----G-A-----
282 -----
283 -----A-----G-----
284 -----A-----A-T-----G-----
285 -----A-----A-T-----G-----T-----
286 -----A-----C-----G-C-----A-----
287 -----G-----A-----G-----G-----
288 -----G-A-----G-----C-G-T-T-----
289 -----G-A-----G-----C-G-T-T-----
290 -----GA-----A-T-----G-----C-G-T-----
291 -----A-T-----G-----C-----T-----
292 -----G-A-T-----C-----C-A-T-----
293 -----G-A-T-----C-----C-----T-----
294 -----G-----G-A-T-----C-C-----C-----T-----
295 -----A-T-----C-----C-----T-----
296 -----G-A-T-----G-----C-----T-----
297 -----G-CA-T-----C-----C-----T-----
298 -----G-A-T-----G-----C-----T-----
299 -----CA-T-----C-----C-----
300 -----A-T-----C-----
301 -----A-----CA-TC-----G-G-T-C-T-T-----
302 -----A-----CA-T-----G-----T-C-----T-----
303 -----A-----CA-TC-----G-G-T-C-----T-T-----
304 -----G-----T-----T-----
305 -----A-----CA-T-----G-----T-C-----T-----
306 -----CA-TC-----G-G-T-C-----T-T-----
307 -----A-----CA-TC-----G-G-T-C-----T-T-----
308 -----A-----CA-TC-----G-G-T-C-----T-T-----
309 -----A-----A-T-----G-C-T-----T-----
310 -----A-----A-T-----G-C-T-----T-----
311 -----TC-----C-A-----
312 -----TC-----C-A-----
313 -----A-----G-CT-----C-G-----T-----

28/71

SEQ ID

NO 1351

Start of Hbx protein

279	TCTCGCGGAAATATA	CATCGTTTCC	ATGGCTGCTAGGCTGTACTGCCAAC
280	-----A-----	-----	-----
281	-----C-----	-----A-----	-----G-----
282	-----	-----	-----G-----
283	-T--T-A-----C-----	-A-----	-T-----
284	-T--C--C-----	-----	-----G-----
285	-T--C--C-----	-----	-----G-----
286	---C--C--G-----	-----	-----G-----
287	---C--C--G-----A-----	-----	-----G-----
288	---T-----C--C--A--C-----	-----C--G-----	-----G-----
289	---T-----C--C--A--C-----	-----C--G-----	-----G-----
290	---T-----C--C--C--C-----	-----C--G-----	-----G-----
291	---T-----C--C--C--C-----	-----C--G-----	-----G-----
292	---T-----C--C--C-----	-----	-----G-----
293	---T-----C--C--C-----	-----	-----G--G-----
294	---T-----C--C--C-----	-----	-----G--G-----
295	---T-----C--C--C-----	-----C--G-----	-----G-----
296	---T-----C--C--C--C-----	-----C--G-----	-----G-----
297	---T-----C--C--C-----	-----	-----G--G-----
298	---T-----C--C--C--C-----	-----C--A-----	-----G-----
299	---T-----C-----C-----	-----C--G-----	-----G-----
300	---T--C-----C-----C-----	-----C-----	-----G-----
301	-A--C--C-----	-----	-----G-----
302	---C--C-----	-----	-----G-----
303	---C--C-----	-----	-----G-----
304	-----	-----	-----T-----
305	-A-----	-----	-----T-----
306	---C--C-----G-----	-----	-----G-----
307	---C--C-----A-----	-----	-----G-----
308	---C--C-----	-----	-----G-----
309	---C-----C-----	-----	-----G-----
310	---C-----G-----C-----	-----	-----G-----
311	---T-----G-----C-----	-----C--T-----	-----G-----
312	---C-----G-----C-----	-----C--A-----	-----G-----
313	---TA-----G--C--C--C-----	-----C--A-----	-----G-----A-----

29/71

SEQ ID

NO 1401

279 TGGATCCTTCGCGGGACGTCCTTTGTTTACGTCCCGTCGGCGCTGAATCC
280 -----
281 -----
282 -----
283 -A--T-----C-----
284 -----G-----C-----
285 -----G-----C-----T-----
286 -----G-----
287 -----G-----
288 -----G-----A-----
289 -----G-----A-----
290 -----G-----C-----
291 -----G-----C-----
292 -----G-----C-----
293 -----G-----C-----
294 -----G-----C-----
295 -----G-----C-----
296 -----G-----C-----
297 -----G-----C-----
298 -----G-----C-----
299 -----A-----
300 -----A-A-----
301 -----GA-----C-----
302 -----G-----
303 -----G-----
304 -----
305 -----
306 -----G-----
307 -----G-----
308 -----G-----
309 -----G-A-----C-----A-----
310 -----G-A-----C-----A-----
311 -----G-----
312 -----G-----
313 -----G-----A-----

30/71

SEQ ID

NO 1451

```
279 CGCGGACGACCCCTCTCGGGGCCGCTTGGGAGTCTCTCGTCCCCTTCTCC
280 -----C-----
281 -----C-----
282 -----C--A-----
283 -----G--A-----C-G-A-----
284 -----C-----GC--AC--C--G-----
285 -----C-----GC--AC--C--G-----
286 -----C-----GC--AC--C--G-----
287 -----T--C-----GC--AC--C--G-----
288 -----G----C----T----CC--ATC-----T-
289 -----G----C----T----CC--ATC-----T-
290 -----G----T----CC--AC-----T-G--TT
291 -----G----T----CC--AC-----T-
292 -----G----T----CC--AC-----T-
293 -----G----T----GC--AC-----T-
294 -----G----T----C--AC-----T-
295 -----G----T----CC--A-----T-
296 -----G----T----CC--AC-----T-
297 -----G----T----CC--A-----T-
298 -----G-----T-T----CC--AC-----T-
299 -----G--C----T----GC--AC-----TT
300 -----G-----T----GA--AC-----T-
301 A-----T-----C-----
302 -----G-----T----C-----
303 -----T-----C-----T
304 -----T-----C-----
305 -----C-----
306 -----T-----C-----
307 -----T-----T----C-----
308 -----T-----GA--T-----
309 T-----G-----T----GA--T-----
310 T-----G-----T----GA--A-----
311 A-----A--C----T-----GC-G-AC--C-----T-
312 A-----A--C-----GC--AC--C--T----G-
313 -----C-----GC-G-AC--C--T-----
```

SEQ ID

NO 1501

279 GTCTGCCGTTCCAGCCGACCACGGGGCGCACCTCTCTTTACGCGGTCTCC

280 -----

281 -----

282 -----

283 -----A--GT-----

284 -C-----A--GT-----A----

285 -----A--GA-----A----

286 -----A--GT-----A----

287 -C--TT--A--GA-----A----

288 A-----G-----G-----

289 A-----G-----G-----

290 C-----

291 A-----

292 A-----G-----

293 T-----G-----

294 A-----G-----TT

295 A--A-----G-----

296 A-----G-----G-----

297 -----T-----G-----

298 A-----G-----

299 -----G-----G--A-----

300 -----G-----G--A-----

301 -----T-GT-----A----

302 -----GA-----A----

303 -----T-GA-----A----

304 -----

305 -----A

306 -----T-GA-----A----

307 -----T-GA-----A----

308 -----GT-----A----

309 -----G-----G-----

310 -----

311 -----A--T-----A----

312 -----T-----A----

313 -----G--T-----A----

32/71

SEQ ID

NO 1551

279 CCGTCTGTGCCTTCTCATCTGCCGGTCCGTGTGCACTTCGCTTCACCTCT

280 -----

281 -----

282 -----

283 -----

284 -----A-----

285 -----G-----A-----

286 -----A-----

287 -----A-----

288 -----A-----

289 -----A-----

290 -----A-----

291 -----

292 -----A-----

293 -----A-----

294 TT-----

295 -----A-----C-----

296 -----

297 -----A-----

298 -----A-----

299 -----A-----

300 -----A-----

301 -----A-----

302 -----T-A-T-----

303 -----A-----

304 -----

305 -----

306 -----A-----

307 -----A-----

308 -----

309 -----A-----

310 -----T-----A-----

311 -----T-----A-----

312 -----T-----

313 -----T-----A-----

SEQ ID

NO 1601

End of HB pol protein

279	GCACGTTGCATGGAGACCACCGTGAACGCCCATCAGATCCTGCCCAAGGT
280	-----C-----
281	-----
282	-----G-----
283	-----G-----
284	-----C-----G-A-----
285	-----C-----G-A-----
286	-----C-----C-G-A-----
287	-----C-----CGG-A-----
288	-----C-----G---G-T-----
289	-----C-----G---G-T-----
290	-----C-----G---C---G-T-----C-
291	-----C-----C---G-T---T---C-
292	-----A-----C---G-T-----
293	-----C-----C---G-T-----
294	-----C-----C---G-T-----
295	-----C-----C---G-T-----
296	-----C-----C---G-T-----
297	-----C-----C---G-T-----
298	-----C-----G-GT-----
299	-----C-----A-----CAT-G-T-----
300	-----C-----CAT-G-AT-----
301	-----C-----C-AT-T-----
302	-----C-----C-A-AT-----
303	-----C-----
304	-----A-----TA-----
305	-----C-----A-GT-----
306	-----C-----C-AT-T-----
307	-----C-----A-----A-CAT-T-----
308	-----C-----C-CT-T-----
309	-----C-----C-A-T-----
310	-----C-----C-A-AT-----
311	-----C-----CCTG-GTT---A-CA--
312	-----C-----CCTG-GTT---A-CA--
313	-----C-----CCTG-GTT---A-CA--

SEQ ID

NO 1651

HBPr 69

279	CTTACATAAGAGGACTCTTGGACTCTCAGCAATGTCAACGACCGACCTTG
280	-----C-----
281	-----C-----
282	-----A-----C-----
283	-----
284	---G-----T-----
285	---G-----T-----C-----
286	---G-----T-----
287	---G-----T-----
288	-----T-----
289	-----T-----
290	-----A-----
291	-----
292	---C-----
293	-----C-----
294	-----G-----
295	-----C-----
296	-----G-----
297	---T-----
298	---T-----T-----
299	---G-----A-----
300	---G-----G-----
301	-----
302	-----T-----
303	-----C-----
304	T-----C-----
305	-----C-----
306	-----T-T-----
307	-----T-T-----
308	-----
309	-----T-----
310	-----T-----
311	---T---G-CG---T---TGGA-C-
312	-----A---T---G-CG---T---TGGA-C-
313	---C---T---G-TG---T---TGGA-C-

35/71

SEQ ID

NO 1701

HBPr 70

279	AGGCCTACTTCAAAGACTGTGTGTTTAAGGACTGGGAGGAGCTGGGGGAG
280	-----T-----
281	-----
282	-----
283	-----A-----T-----
284	---AC-----CT-G-----T-----
285	---A-----CT-G-----T-----
286	---A-----T-G-----
287	---A-----T-G-----T-----
288	---A-----CT-----A-----CT-----
289	---A-----CT-----A-----CT-----
290	---A-----T-----A-----T-----
291	---A-----T-----A-----T-----
292	---A-----T-----A-----T-----
293	---A-----A-----T-----
294	---A-----T-----T-----
295	---A-----T-----T-----
296	---A-T-----T-----A-----T-----
297	---A-----T-----A-----T-----
298	---A-----T-----T-----
299	---A-T-----C-A-----T-----
300	---A-----A-----A-----T-----
301	---A-----T-----A-G-----T-----
302	---A-----T-----A-----T-----
303	-----
304	-----
305	-----
306	---A-----T-----TC-----
307	---A-----T-----A-----T-----
308	---A-----T-----T-----
309	---A-----T-----A-----T-----
310	---A-----T-----A-----TC-----
311	-A-A--A-----A-----
312	-A-AA--A-----A-----A-----
313	-A-AA--A-----A-----T-----

36/71

SEQ ID

NO	1751	pre Core promoter	Core promoter
279	GAGATTAGG	<u>TTAAAGGTCTTTGTATTAGGAGGCTGTAGGC</u>	<u>CATAAATTGGT</u>
280	-----	-T-A-	-----
281	-----	-----	-----
282	-----	-T-A-	-----
283	-----	-----	-----
284	-----	-C-	-C-
285	-----	-C-	-C-
286	-----	-----	-C-C-
287	---G-	-----	-C-
288	-----	-T-A-	-C-
289	-----	-T-A-	-C-
290	-----	-----	-C-
291	-----	-----	-C-
292	-----	-----	-C-
293	-----	-----	-C-////////
294	-----	-----	-C-
295	-----	-----	-C-G-
296	-----	-T-	-C-
297	-----	-T-A-	-C-
298	--AC-	-T-A-	-C-
299	---G-	-A-	-C-
300	-----	-A-	-C-
301	-----	-A-	-T-G-
302	-----	-A-	-C-
303	-----	-----	-----
304	-----	-----	-----
305	-----	-----	-----
306	-----	-A-	-T-A-
307	-----	-A-	-----
308	-----	-A-	-C-
309	-----	-A-	-C-
310	-----	-A-	-C-
311	-----	-C-	-C-
312	-----	-C-	-C-
313	-----	-----	-----

37/71

SEQ ID

NO

End of hbz protein

1801

Start PreCore

279	CTGCGCACCAGCACC	ATGCAACTTTTT	/	CACCTCTGCCTAATCATCTCTT
280	-----	12	/	-----
281	-----	-----	/	-----
282	-----	-----	/	-----
283	-----TT-T	-----	/	-----
284	---TT	-----	/	-----A-
285	---TT	-----	/	-----A-
286	---TT	-----	/	-----G-
287	G---TT	-----	/	-----A-
288	---TT	-----T	/	-----A-
289	---TT	-----T	/	-----A-
290	---TT	-----	/	-----A-
291	---TT	-----	/	-----A-
292	---TT	-----C	/	-----A-
293	//////////	-----	/	-----A-
294	---TT	-----	/	-----A-
295	---TT	-----	/	-----A-
296	---TT	-----	/	-----C-
297	---TT	-----	/	-----A-
298	---TT	-----	/	-----
299	-----	-----	/	-----A-
300	-----	-----	/	-----A-
301	-----	-----	/	-----
302	-----	-----	/	-----
303	-----	-----	/	-----
304	-----	-----	/	-----
305	-----	-----	/	-----
306	-----	-----	/	-----
307	-----	-----	/	-----
308	-----	-----	/	-----
309	-----	-----	/	-----
310	-----	-----	/	-----
311	---TT	-----	/	-----
312	-----	-----	/	-----
313	---TT	-----	/	-----T-

SEQ ID

NO 1851

codon 15

codon 28

279 GTACATGTCCCACTGTT⁴⁵CAAGCCTCCAAGCTGTGCCTTGGGTGGCTTTGG

280 -----

281 -----

282 --T-----T-----A

283 -----T-----A-----

284 --T-----T-----

285 --T-----T-----

286 --T-----T-----

287 --T-----T-----⁴⁶

288 --T-----T-----C

289 --T-----T-----C

290 --T-----T-----⁴⁷

291 --T-----T-----

292 --T-----T-----⁴⁸

293 --T-----T-----

294 --T-----T-----⁴⁹

295 --T-----T-----

296 --T-----T-----A

297 --T-----T-----A

298 --T-----T-----A

299 --T-----T-----

300 --T-----T-----

301 --T-----T-----A

302 --T-----T-----

303 -----

304 --T-----T-----A

305 --T-----T-----

306 --T-----T-----A

307 --T-----T-----

308 --T-----T-----

309 --T-----T-----

310 --T-----T-----

311 --T-----T-----

312 --TT-----

313 --T-----

SEQ ID

39/71

NO 1901

codon 29 Start HbcAg

HBPr 7

279	GGC	ATGGACATTGACCCTTATAA	GAATT	TGGAGCTACTGTGGAGTTACT
280				
281				
282				-G-
283				-AGCTACTGTG-AGT- ACTC
284			G	T
285			G	T
286			C	
287			G	T
288			G	T
289			G	T
290			G	T
291			G	T
292			G	T
293			G	AT
294			G	T
295			G	T
296		A	G	T
297		G		T
298	A	A		T
299				T
300				T
301	A	T		T-A-G
302				C
303				
304			C	
305				
306	A		T	
307			T	
308				
309				
310				
311			T	A-GT
312			T	A-GT
313			T	

SEQ ID

NO 1951

HBPr 8

279	CTCGTTTTTG	CCTTCTGACTTCTTTCCTTC	CGTCAGAGATCTCCTAGACA
280	-----	-----	-----AC-----
281	-----	-----	-----
282	-----	-----CA-----	-----
283	TCAT---	GC-T-CTGACT-CT--C-T-C-	GTC-G-GATCTA-TAGA-T-
284	---T---	-----	TA-TC-----T-C----
285	---T---	-----	TA-TC-----T-C----
286	---T---	-----G--G--GC-G--C-----	T-----
287	---T---	-----G--G--GC-----	C-----
288	---T---	-----T-----	A-TC-----C----
289	---T---	-----T-----	A-TC-----C----
290	---T---	-----	TA-TC-----C----
291	---T---	-----	TA-TC-----C----
292	---T---	-----	TA-TC-----C----
293	---T---	-----G--	TA-TC-----T----
294	---T---	-----	TA-TC-----C----
295	---T---	-----	TA-TC-----C----
296	---T---	-----	TA-TC-----C----
297	---T---	-----G--	T--TC-----C----
298	---T---	-----	TA-TC-----C----
299	---T---	-----T-----A--	TA-TC-----C-----C----
300	---T---	-----T-----A--	TA-TC-----C-----C----
301	-----	-----A--	A-AC-----T-----T----
302	-----	-----	A-AC-----T-----T----
303	-----	-----	AC-----
304	-C--A-	-----TC-A-	AC-----T----
305	-----	-----	A-----
306	-----C-	-----	A-AC-----T-----T----
307	-----	-----	A-AC-----T-----T----
308	---A---	-----T-----	G-AC-----T-----T----
309	-----	-----	A-A-----T-----T----
310	-----	-----	A-A-----T-----T----
311	---T---	G-----G--	T-TC-G--C-----C----
312	---T---	-----G--	AA-C-----C-T-C----
313	-----	-----T--C-A-	G-TC-G--C-A-C----

SEQ ID

NO 2001

```

279 CCGCCTCAGCTCTGTATCGAGAAGCCTTAGAGTCTCCTGAGCATTGCTCA
280 -----
281 -----G-----G-----
282 -----
283 -A-----A-----G-----
284 -----T-----G-G-----G-A-----T---
285 -----T-----G-G-----G-A-----T---
286 ---T---T-----G-----A-A-----
287 -----T---T-----G-G-----G-A-----T---
288 -----T-----A-G-G-----G-A-----T---
289 -----T-----A-G-G-----G-A-----T---
290 -----T-----G-G-----G-A-----T---
291 -----T-----G-G-----G-A-----T---
292 -----T-----G-G-----G-A-----T---
293 -----T-----G-G-----G-A-----T---
294 -----A-----G-G-----G-A-----T-T
295 -----G-G-----G-A-----
296 -----TT-----C-----G-G-----G-A-----T---
297 -----T-----C-----G-G-----G-A-----T---
298 -----T-----G-G---C-----G-----TA---
299 -----G-G-----G-----T---
300 -----G-G-----G-A-----T---
301 -----A-----G-----TA---
302 -----G-T-----T---
303 -----G-----T---
304 -----G-----T---
305 -----
306 -----A-----G-----A-----T---
307 A-----G-----T---
308 -----G-T-----T---
309 -----G-T-----A-----A-----T---
310 -----G-T-----T---
311 -----C-----C-G-T-----A-G-A-----A-C
312 -----G-T-G-----A-G-A-----A-C
313 ---T-----T-C-G-T-T-----A-----A-----A-T

```

SEQ ID

NO 2051

279 CCTCACCATACTGCACTCAGGCAAGCCATTCTCTGCTGGGTGGAATTGAT
280 -----G-----
281 -----C-----G-----
282 -----G-----G-----A--
283 -----A-----G-A---A--
284 -----G-----T---G-T---GT--G---
285 -----G-----T---T-G-T---GT--G---
286 -----C-A-----T---G-----G-----A--
287 -----G-----T---G-T---GT--G-A--
288 -----T---A-----T---G-T---GT--G---
289 -----T---A-----T---G-T---GT--G---
290 -----A-----T---G-T---GT--G---
291 -----A-----T-C-G-T---GT--G---
292 -----A-----T---G-T---GT--G---
293 -----A-----T---G-T---GT--G-A--
294 -----T---A-----T---G-T---GT--G---
295 -----C-----T---G-T---CGT--G---
296 -----A-----T---G-G-T---GT--G---
297 -----A-----T---G-T---T--G---
298 -----A-----T---G-T---GT--G---
299 -----A-----TG---G-T---GT--G-A--
300 -----A-----TG---G-T---GT--G-A--
301 -----T-----A---T---G-----A--
302 -----A---T---G---C-A--
303 -----A---T---G---C-A--
304 -----A---T---G---C-A--
305 -----G---C---
306 -----A-----G---TC-A--
307 -----A-A-G-----G---C-A--
308 -----A---T---G---C-A--
309 --G---C-----T---G---C-A--
310 -----C-----T---GA---C-A--
311 --CA-T---C-T-----T---T-G-----GT--G-A--
312 --CA-T---C-T-----T---T-G-T---GT-----A--
313 --CA-----T-----T---T-G-T---GT--G-A--

SEQ ID

NO 2101

```

279 GACTCTAGCTACCTGGGTGGGTAATAATTTGGAAGATCCAGCATCCAGGG
280 -----C-----A-
281 -----C-----
282 -----C-----
283 -----C-----C--C--
284 --A-----C-----A-G-----C-----C--C--
285 --A-----C-----A-G-----C-----C--C--
286 -----C-----C--
287 --A-----C-----A-G-----G-----
288 --A--G-C-----A-G-----C-----
289 --A--G-C-----A-G-----C-----
290 --A-T-G-C-----A-G-----C-----
291 --A-T-G-C-----A-G-----C-----
292 --A--G-C-----A-G-----C-----
293 --A--G-C-----A-G-----C-----
294 --A--G-C-----A-G-----C-----
295 --A--G-C-----A-G-----C-----
296 --A--G-C-----A-G-----C-----
297 --A--G-C-----A-G-----C-----
298 --AC--G-C-----A-G-----A-----
299 --A--G-----A-G-----C-----A--A--
300 --A--G-----A-G-----C-----
301 -----C-----GG-----C-----A-----
302 -----GT-----T-----
303 -----GT-----T--A--
304 -----GT-----T--A--
305 -----AT-----G-----G--T-----
306 A-----T-C-----GG-----A-----T-----
307 -----GG-----AT-----
308 -----GT-----T-----
309 -----GTA-----
310 -----GTA-----
311 ----T-G--T-----C--T--G-T-----
312 ----T-G--T-----C-----G--C--T--G-----
313 ----T-G--T-----C-----G--C--T--G-T-----

```

SEQ ID

NO 2151

279 ATCTAGTAGTCAATTATGTTAATACTAACATGGGTTTAAAGATCAGGCAA

280 -----

281 -----A-----

282 ---A-----

283 -----CC-----

284 -AT-----G-----C---GT---T---CC---A---A---

285 -AT-----G-----C---GT---T---CC---A---A---

286 -----C-----CC-----

287 -AT-----GC-----C---CGT---T---CC---A---A---

288 -A-----GC-----C---GT---T---CC---A---A---

289 -A-----GC-----C---GT---T---CC---A---A---

290 -AT-----GC-----C---GT---T---CC---A---A---

291 -AT-----GC-----C---GT---T---CC---A---A---

292 -AT-----GC-----C---GT---T---CC---A-T-A---

293 -AT-----GC-----C---GT---T---CC---A---A---

294 -AT-----GC-----C---GT---T---CC---A---A---

295 -AT-----GC-----C---GT---T-C-CC---A---A---

296 -AT-G-----GC-----C---GT---T---CC---A---A---

297 -AT-----GC-----C---GT---T---CC---A---A---

298 -AGC-----GC-----C---GT---T---CC---AC---A---

299 -AT-G-----G-----C---GT---T---CC---A-----

300 -AT---G---G-----C-C-T---T---CC---A---A---

301 -C-----G-----C---T---CC---T-----

302 -C-----G-----C-C---T---CC---T---A---

303 -C-----G-----C-C---T---C---T-----

304 -CT-----G-----C-C---T---CC---T-----

305 -C-----G-----C---T---CC-----

306 -C-----G-----C---T---CC---T-----

307 -C-----G-----C-C---T---CC---AT-----

308 -C-----G-----C-C---T---CC---T-----

309 -C-----G-----C---T---CC---T-----

310 -C-----G-----C---T---CC---T-----

311 --T-----T-----C-C---T---C-----T-A---

312 --T-----T-C-----C---T---C-----T-A---

313 --T-----T-C-----C-----CC---A-T-A---

SEQ ID

NO 2201

279 CTATTGTGGTTTCATATATCTTGCCTTACTTTTGGGAAGAGAGACTGTGCT
 280 -----A--
 281 --C-----G--C--A-----A--A--
 282 -----T--TG-----C--A--
 283 T-----T-----A--C--
 284 -----C-T-C-T--G-----A--T--
 285 -----C-T-C-T-----A--T--
 286 ---G-----C-T-C-T-----A--T--
 287 -----C-T-C-T-----G--A--T--
 288 -----C-T-C-----A--TT--
 289 -----C-T-C-----A--TT--
 290 -----T-C-T-----A--T--
 291 -----C-T-C-T-----A--C--
 292 -----C-T-C-----A--TT--
 293 -----C-T-C-----A--T--
 294 ---C-----C-T-C-T-----A--T--
 295 ---C-----C-T-C-T-----A-G-T--
 296 -----C-T-C-T-----A--TT--
 297 -----C-T-C-T-----T--T--
 298 -----C-T-C-T-----A--T--
 299 --G-----T-C-T-----A--T--
 300 -----C-T-C-T-----A-A-CG--
 301 -----CG-T--T-C-----A-A-TA--
 302 --C-----C-T--T-C-T-----A-A-TA--
 303 --C-----C-T--T-C-----A-A-TA--
 304 --C-----C-T--T-C-----A-A-TA--
 305 -----A--G-CA--
 306 -----C-T--T-C-----A-A-TA--
 307 -----C-T--T-C-----A-A-CA--
 308 -----C-T--T-C-----A-C-CA--
 309 T-----C-T--T-C-----A-C-CA--
 310 T-----C-T--T-C-----A-A-T--
 311 -----C-C-C-T-----A-A-T--
 312 -----C-T-C-----A-A-T--
 313 --G-----C-T-C-----A-A-T--

SEQ ID

NO 2251

279 TGAATATTTGGTCTCTTTTCGGAGTGTGGATTTCGCACTCCTCCAGCCTATA
280 -----
281 -----
282 -----
283 ---G-----
284 -----G-----T-----A-----A-----
285 -----G-----T-----A-----T-----A-----
286 G-----A-----T-----T-----C-----
287 -----G-----T-----T-----A-----
288 G--G-----A-----T-----C--T--C--
289 G--G-----A-----T-----C--T--C--
290 ---G-----G-----T-----C--T--C--
291 ---G-----G-----T-----C--T--C--
292 ---G-----G-----T-----C--T--C--
293 G--G-----A-----T-----C--T--C--
294 ---G-----G-----T-----T--T--C--
295 ---G-----G-----T-----T--T--C--
296 ---G-----A--G--T-----A-----C--
297 A--G-----G-----T-----TC--T--C--
298 ---G-----G-----T-----A--C--T--C--
299 ---G--C-----G--C--T-----C--T--C--
300 ---G-----G-----T-----C--T--C--
301 A--G-----G-----T-----A--T-----
302 A--G-----G-----T-----
303 A--G-----GG-----T-----
304 A--C-----G-----T-----
305 -----
306 A--G-----G-----T-----T-----
307 A--G-----G-----T-----T-----
308 A--G-----G-----T-----
309 A--G-----G-----T-----T-----
310 A--G-----G-----T-----T-----
311 ---G-----G--C--T-----A--T--T-----
312 ---G-----G--C--T-----T-----
313 A--G-----G--C--T-----T--T--C--

47/71

SEQ ID

NO 2301 Start HB pol protein

279 GACCACCAATGCCCCTATCTTATCAACACTTCCGGAACTACTGTTGTT

280 -----

281 -----

282 -----

283 -----

284 -----

285 -----

286 -----

287 -----

288 -----

289 -----

290 -----

291 -----

292 -----

293 -----

294 -----

295 -----

296 -----

297 -----

298 -----

299 -----

300 -----

301 -----G--TG-----

302 -----C-----G-----

303 -----C-----G-----

304 -----C-----G-----

305 -----

306 -----G-----

307 -----G-----

308 -----

309 -----G-A-----

310 -----G-A-----

311 -----C--C-----

312 -----C--C-----

313 -----C--C-----

SEQ ID

NO 2351

279 AGACGACGGGACCGAGGCAGGTCCCCTAGAAGAAGAACTCCCTCGCCTCG
280 -----
281 -----
282 ---T-T-----C-----
283 -----A-----
284 -----////////-----
285 -----////////-----A-----
286 -----////////-----
287 -----A-////////-----
288 -----////////-----
289 -----////////-----
290 -----////////-----
291 -----////////-----
292 -----////////-----
293 -----////////-----
294 -----////////-----
295 -----////////-----
296 -----////////-----
297 -----A-////////-----
298 -----////////-----
299 -----A-////////-----
300 -----T-////////-----
301 -----////////-----
302 -----////////-----
303 -----////////-----GC
304 -C-----////////-----
305 -----////////-----
306 -----////////-----
307 -----////////-----
308 -----////////-----
309 -----A-////////-----
310 -----A-////////-----
311 -----////////-----
312 -----////////-----
313 -----////////-----

SEQ ID

NO 2401

279 CAGACGCAGATCTCAATCGCCGCGTCGCAGAAGATCTCAATCTCGGGAAT
280 -----
281 -----
282 -----
283 -----
284 -----A-G-----
285 -----A-G-----CG-----
286 -----A-G-----A-----
287 -----A-G-----
288 -----A-----G-----
289 -----A-----G-----
290 -----A-G-----
291 -----A-G-----
292 -----A-G-----
293 -----A-G-----
294 -----A-G-----
295 -----A-G-----
296 -----A-G---A-----A-----
297 -----A-----
298 -----A-G-----C
299 -----A-G-----
300 -----A-G-----A-----
301 -----A-G-----
302 -----A-G-----
303 -----A-G-----
304 -----CA-G-----
305 -----A-G-----
306 -----A-G-----A-----A-----
307 -----A-G-----
308 -----A-----CA-CT-
309 -----A-----CA-CT-
310 -----A-----CA-CT-
311 -C---A-G-----CA-CT-
312 -----A-G-----C-C-----CA-CT-
313 -----A-----

50/71

SEQ ID

NO 2451

End of HBcAg

279 CTCAATGTTAGTATTCCTTGGACTCATAAGGTGGGAACTTTACTGGGCT

280 -----C-----G-----
281 -----C-----
282 -----T-----
283 -----G-----
284 -----G-----
285 -----C-----G-----
286 -C-----C-----G-----
287 -----A-----G-----
288 -----C-----
289 -----C-----
290 -----C-----
291 -----C-----
292 -----C-----
293 -----C-----
294 -----C-----
295 -----C-----T-----
296 -----C-----A-----
297 -----C-----A-A-----
298 -----A-G-C-----
299 -C-----C-----
300 -C-----C-----G-----
301 -----G-T-----
302 -----G-T-----
303 -----G-G-----
304 -----G-----
305 -----C-----G-----
306 -----G-----
307 -----A-T-----G-----
308 -----T-----G-----
309 -C-----T-----G-----
310 -C-----T-----G-----
311 -C-----T-----G-----
312 -C-----G-----
313 -C-----

SEQ ID

NO 2501

```

279 TTATTCCTCTACAGTACCTATCTTTAATCCTGAATGGCAAACCTCCTTCCT
280 -----
281 -----C-----
282 -----
283 -----T-----T-C-----A-----T-
284 -----T-----G-----G-----C-----A-
285 -----T-----G-----G-----A-----
286 -----T-----G-----G-----T-
287 -----T-----G-----TG-----A-----T-
288 -----T-----T-----G-----G-----C-
289 -----T-----T-----G-----G-----C-
290 -----T-----T-----G-C-----G-CC-----C-
291 -----T-----T-----G-----G-C-----C-
292 -----T-----T-----G-----T-A-----C-
293 -----T-----T-----G-----C-G-----C-
294 -----T-----T-----G-----G-----C-
295 -----T-----T-----G-----G-----C-
296 C-----T-----T-----G-----G-----C-
297 -----T-----T-----G-----G-A-----C-T-
298 ---C---T-----T-----G-----G-----C-
299 -----T-----T-----G-----C-----C-T-
300 -----T-----T-----G-----C-----C-T-
301 -----T-----T-T---G-----C---C-T---A---A-C-T-
302 -----T-----T-----G-----C-T---A---A-A-T-
303 -----T-----T-T---G-----C---C-T---G---C-C-T-
304 -----T-----T-T---G-----C-T---A---A---T-
305 -----T-----T-----G-----C-T---A---A-A-T-
306 -----T-----T-T---G-----C---C-T---A---A-C-T-
307 -----T-----T-----G-----C---C-T---A---A-C-T-
308 -----T-----T-----G-----C---C-T---A---A-C-T-
309 C-C-T-----TA-T---G-----A-C---A-----A-T-
310 ---C---T-----TA---G-----A-C---A-----A-T-
311 C-C-T-----T-----GCT-C-----A-C---TT-----T-
312 C-C-T-----T-----GCT-C-----C-C---TT-----T-
313 ---C---T-----T-G---GCT-----A-C---TCC-----T-

```

52/71

SEQ ID

NO 2551

279 TTCCTAAGATTTCATTTACAAGAGGACATTATTAATAGGTGTCAACAATTT
 280 -----
 281 -----A-----
 282 -----
 283 -----A-----T-A-----GC-----G-----
 284 -----G-C-----G-G-----C-----A-----A-----
 285 -----G-C-----G-G-----T-C-----G-----
 286 -----AG-C-----G-----G-G-----A-----A-G-----
 287 -----G-C-----G-G-----G-G-----A-----A-G-----
 288 -----C-C-----G-----A-----A-----
 289 -----C-C-----G-----A-----A-----
 290 -----C-----G-----A-----A-----
 291 -----C-----T-----A-----A-----
 292 -----C-C-----G-----A-----A-----
 293 -----C-C-----G-----A-----A-----
 294 -----C-C-----G-----A-----A-----
 295 -----C-C-----G-----A-----A-----
 296 -----T-----G-----T-----A-----A-----
 297 -----C-----G-----G-----A-----A-----
 298 -----C-----G-----G-----A-----A-----
 299 -----G-C-----G-G-----A-----A-----
 300 -----G-C-----G-G-----A-----A-----
 301 -----T-A-----CC-A-----C-A-AA--G-----
 302 -----T-A-----CC-A-----C-A-AA--G-----G-----
 303 -----T-A-----CC-A-----C-A-AA--G-----G-----
 304 -----T-A-----CC-A-----C-A-AA--G-----G-----
 305 -----T-A-----CC-A-----C-A-AA--G-----G-----
 306 -----T-A-----CC-A-----C-A-AA--G-----G-----
 307 -----T-A-----CC-A-----C-A-AA--G-----G-----
 308 -----T-A--C--CC-A-----C-A-AA--G-----G-----
 309 -----G-T-----G-CC-----C-AA--G-----G-----
 310 -----G-T-----G-CC-----C-AA--G-----G-----
 311 -----G-T-----TC---T-G-ATC-AA--G-----G-----
 312 -----G-T-----G-TC-A--C-G-ATC-AA--G-----G-----
 313 -----G-T-----G-TC-A--C-G--TC-AA--G-----G-----

53/71

SEQ ID

NO 2601

279 GTGGGCCCTCTCACTGTAAATGAAAAGAGAAGATTGAAATTAATTATGCC

280 -----

281 -----

282 -----T-----

283 --A-----A-----C-----

284 -----A-C-T-A-G-----A-G--C-A-----G-----

285 -----A-C-----A-G-----C-G--C-A-----G-----

286 -----A-C-T-A-----C-G--C-A-----A-----

287 -----G-C-T-A-----C-G--C-A-----

288 -----T-A-T-----A-G--A-----

289 -----T-A-T-----A-G--A-----

290 -----T-A-T-----A-G--A-----

291 -----T-A-T-----A-G--A-----

292 -----G-A-T-----A-G--A-----

293 -----T-G-T-----A-G--A-----

294 -----T-A-T-----A-G--A-----

295 -----T-A-T-----A-G--A-G-----

296 --A-----T-A-T-----A-G--A-----

297 -----T-A-G-----A-G--A-----

298 -----T-A-T-----A-G--A-----

299 -----T-A-T-----A--A-----

300 -----T-A-T-----A--A-----

301 --A----A----A-C----G-A----C-C--G-----

302 --A----A----A-T----G-A----C--G-C-----

303 --A----A----A-T----G-A----C--G-----

304 --A----A----A-C----G-A----C-C--G-----

305 --A----A----A-T----G-A----C--G-----

306 --A----A----A-C----G-A----C-C--G-----

307 --A----A----A-C----G-A----C-C--G-----

308 --A----A----A-----G-AC----C-C-----

309 --A-T----A-A-----AC-----A-C--G-C-----

310 --A-T----A-----AC-----A-C--G-C-----

311 --A----G-----AA-----TT-----A----GG-C-----

312 --A----A-T-CAA-----TT-----G-----G-----

313 --A----A-T-AA-----TTAC-----A----GG-----

SEQ ID

NO 2651

279 TGCCAGATTCTATCCTACCCACACTAAATATTTGCCCTTAGACAAAGGAA
280 ---T-----
281 ---T-----
282 ---T-----A-----
283 ---T-G-T-----A-AG---A-----G-
284 ---T-G-----C-ATGTT-----T-----
285 ---T-G-----C-ATGTT-----T-----
286 ---T---T-----C-ATGTT--C-----T---T-
287 C--T-G-T-----C-ATGTT-----T---G-
288 ---T-G-T-----AA-TT--C-----G-T---C-
289 ---T-G-T-----AA-TT--C-----G-T---C-
290 ---T-G-----A--TT--C-----G-T---C-
291 ---T-G-----A--TT--C-----G-T---C-
292 ---T-G-----A--TT--C-----G-----C-
293 ---T-G-----A--TT-----C-----
294 ---T-G-----A--TT--C-----A-G-----C-
295 ---T-G-----A--TT--C-----C-----G-----C-
296 ---T-G-----A--TT--C-----G-T---T-
297 ---T-G-----A--TT--C-G-----A---G-T---C-
298 ---T-G-T-----A-A--TT--C-----G-T---C-
299 ---T-G-T-----A--TT-----C-----
300 ---T-G-T-----A--TT--C-----T---C-
301 --T--G-T-----A-TGGTT--C-----A-G-T-G-T-
302 ---T-G-T-----A-AGGTT--C-----A-A-G-T-G-T-
303 ---T-G-T-----A-AGGTT--C-----A-A-G-T-G-T-
304 ---T-G-T-----A-ATGT---C-----A-G-T-G-T-
305 ---T-G-T-----A-AGGTT--C-----A-A-G-T-G-T-
306 ---T-G-T-----A-AGGTT--C-----A-G-T-G-T-
307 A--T-G-T-----A-ATGTT--C-----A-G-T-G-T-
308 ---T-G-T-----A-ATGTT-----A---T-G-T-
309 ---T---T-T---C-T-TCT--A-----C---G---T-
310 ---T---T-T---C-T-TCT--G-----C---G---T-
311 A--T---T-----AG--T--C-----C-TA-G-G---G-
312 A-----T-----AA-TT-----C-TC-G-G---AC-
313 A--T---T-----AGGTT--C-----T--A-G-T---C-

SEQ ID

NO 2701

279 TTAAACCTTATTATCCAGATCAGGTAGTTAATCATTACTTCCAAACCAGA
280 -----
281 -----
282 -----
283 ----A-----T-----T-----T-----C--
284 -----G-T-----G-G--
285 -C-----G-T-----G-G--
286 -C-----G-T-----G-T--
287 -C-----G-----GT-T-----G-GC--
288 -----T-A-T-C-----A---T-G
289 -----T-A-T-C-----A---T-G
290 -----T-A-T-C-----A---T-G
291 -----T-A-T-C-----A---T-G
292 -----G-----T-AT-T-C-----A---T-G
293 -----G-----T-A-T-C-----A---T-G
294 -----A-----T-A-T-C-----A---T-G
295 -----A-----T-A-T-C-----A---T-G
296 -----T-A-T-C-----T---A---T-G
297 -----T-A-T-C-----T---T-G
298 -----T-A-T-C-----T---T-G
299 -----A---AC-----A---T-G
300 -----T-A-T-C-----A---A-G
301 -----G-----A-TC-----T--
302 -----A-TC-----T--
303 -----A-TC-----T--
304 -----G-TC-----T--
305 -----A-TC-----T--
306 -----A-TC-----T--
307 -----AT-TT-----T--
308 -----G-A-TT-----T--
309 -A-----A-T-----T--
310 -A-----A-T-----T--
311 -----C-----C-----T-T--
312 -----G-T-C-----T-T--
313 -C-----C-----T-G-T-C-----TA-----

56/71

SEQ ID

NO 2751

279 CATTATTTACATACTCTTTGGAAGGCTGGTATTCTATATAAGAGGGGAAAC
 280 -----
 281 -----G-----A-----
 282 --C-----C-----
 283 -----G-----
 284 -----G-----CT-----A--A--G--
 285 -----G-----CT-----A--A--G--
 286 -----G-----G-----CT-----A--A--GT--
 287 -----C-----G--G--CT-----A--A--GT--
 288 -----G-----G--C-----A-----
 289 -----G-----G--C-----A-----
 290 -----G-----C-----A--A-----
 291 -----G--G-----C-----A--A-----
 292 -----G-----C-----A-----
 293 -----G-----C-----A-----
 294 -----G-----G--C-----A-----
 295 -----G-----G--C-----A-----
 296 -----G-----C-----A-----
 297 -----G-----C-----A-----
 298 -----G-----C-----A-----
 299 -----G-----G-----G-----A-----
 300 -----G-----C--CT-----A--A-----
 301 -----C-----A-----G--G--AT-----A-----
 302 --C-----C-----A-----G-----AT-----A-----
 303 --C-----C-----A-----G-----AT-----A-----
 304 -----C-----A-----G-----AT-----A-----
 305 --C-----C-----A-----G-----AT-----A-----
 306 -----C-----A-----G--G--AT-----A-----
 307 -----C-----A-----G-----AT-----C-----A-----
 308 -----C-----A-----G-----AT-----
 309 --C-----C--A-----GCA-----A--A-----
 310 --C-----C--A-----G--C--CT-----A--A-----
 311 -----G-----T--A-----G--A-----A-----
 312 -----G-----T--A-----G--A--T-----A--T-----
 313 -----G-----T--A-----G--A--T-----A--T-----

57/71

SEQ ID

NO 2801

HBPR 1

279	CACACGTAGCGCATCATTTTGGGGGTCACCATATTCTTGGGAACAAGAGC
280	-----
281	-----
282	-----C-C-----
283	T-----C-----
284	A-----C-----
285	A-----C-----T-
286	A---A-----C-----T-----T-
287	-----C-----T-----
288	T---C---C---T-----
289	T---C---C---T-----
290	T---C---T---T-----
291	T---C---T---T-----
292	T---C---C---T-----
293	T---C---C---T-----
294	T---C-T-C---C---T-----
295	T-G-C---C---T-----
296	T---T-C---T-----
297	T---C-T-C---T-----
298	T-C-C---T---T-----
299	T---C---C---T-----
300	T---C-T-C---T-----
301	A---A---C---T-A-----A
302	A---A---C---T-----T-
303	A---A---C---T-----T-
304	A---A---C---T-----T-
305	A---A---C---T-----C-
306	T---A---C---T-----
307	T---A---C---T-----
308	A---C---T-----
309	T---C---T-----
310	T---C---T-----T
311	---C---T-A---C---
312	---C---T-----C
313	---C---T-----C

58/71

SEQ ID

NO

Start HBpreS1Ag

2851

HBPr 2

279	TACAGCATGGGAGGTTGGTCATCAAAACCTCGCAAAGGCATGGGGACGAA
280	-----//-----22
281	-----
282	-----G-A-----
283	-----T-----
284	-----C-C-----AC-----A-----
285	-----C-C-----AC-----A-----
286	-----T-C-----A-----A-----
287	-----T-C-----A-----A-----
288	-----T-C-----AC-----
289	-----T-C-----AC-----
290	-----G-----T-C-----AC-----
291	-----T-C-----AC-----
292	-----T-C-----AC-----
293	-----T-C-----AC-----
294	-----T-C-----AC-----
295	-----T-C-----AC-----
296	-----T-C-----AC-----
297	-----T-C-----AC-----
298	-----T-C-----AC-----
299	-----T-----G-----
300	-----T-C-----G-----92
301	-----//-----CA-----
302	-----//-----CA-----
303	-----//-----CA-----
304	-----//-----CA-----
305	-----//-----CA-----
306	-----//-----CA-----
307	-----//-----CA-----
308	-----//-----CA-----
309	-----T-----GCT--CT-GGA-GGTC-60--T-G--//TG-----A-61
310	-----T-----GCT--CT-GGA-GGTC-60--T-G--//TG-----A-61
311	-----CACCTCTC-----CGA-AA-A-GG-----ACA-----
312	-----CACCTCTC-----CGA-AA-A-GG-----ACA-----
313	-----CACCTCTC-----CGA-A--A-G-----ACA-----

59/71

SEQ ID

NO 2901

50

279 TCTTTCTGTTCCCAACCCTCTGGGATTCTTTCCCGATCATCAGTTGGACC
280 -----C-----
281 -----
282 -----
283 C-----
284 -----C-C-----T-----C-----E
285 -----C-C-----T-----C-----E
286 -----C-----T-C-----C-----
287 -----C-----T-----C-----
288 -----T-----C-----
289 -----T-----C-----
290 -----T-----C-----
291 -----T-----C-----
292 -----T-----C-----
293 -----T-----C-----
294 -----T-----C-----
295 -----T-----C-----
296 -----T-----C-----
297 -----T-----C-----
298 -----T-----C-----
299 -----G-A-----T-----C-----
300 -----T-----C-----
301 -----CACCAG-----T-----C-C-----T-
302 -----CACCAG-----T-----C-C-----T-
303 ---A---CACCAG-----T-----C-C-----T-
304 -----CACCAG-----T-----C-C-----T-
305 ---A---CACCAG-----T-----C-C-----T-
306 ---CACCAG-----T-----C-C-----T-
307 ---CACCAG-----T-----C-C-----T-
308 -----CACCAG-----T-----C-C-----T-
309 -A---CACCA-----T-----T-----C-C-----T-
310 -A---CACCA-----T-----T-----C-C-----T-
311 -----G-----T-A-----C-----G-A-C-----C-----T-
312 ---C-----G-----T-A-----A-C-----AC-----T-
313 ---C-----G-----T-----A-C-----C-----T-

73

60/71

SEQ ID

NO 2951

```

279 CTGCATTCTGGAGCCAACTCAAACAATCCAGATTGGGACTTCAACCCCATC
280 -----CA-----
281 ---T-----
282 -----
283 -----T-----
284 -----AA-----CG-----C-----C-----ACA-
285 -----AA-----CG-----C-----C-----ACA-
286 -----AA-----G-A-----C-----ACA-
287 -----AA-----G-A-----C-----G-A-
288 ---G-----A-
289 ---G-----A-
290 ---G-----A-
291 ---G-----A-
292 ---G-----A-
293 ---G-----A-
294 ---G-----C-----C-----A-
295 ---G-----A-
296 -----A-
297 ---G-----A-
298 ---G-----A-
299 ---G-----C-----A-
300 -----A-
301 -A--C--A--A--A--A--CGCA-----T--A-
302 -A--C--A--A--A--A--CGCA-----T--A-
303 -A--C-C-A--A--A--A--CGCA-----T--A-
304 -A--C--A--A--A--A--CGCA-----T--A-
305 -A--C--A--A--A--A--CGCA-----T--A-
306 -A--C--A--A--A--A--TGCA-----T--A-
307 -A--C--A--A--A--A--CGCA-----T--A-
308 -A--C--A--A--A--A--CGCA-----T--A-
309 -A-----A--A--A--A--C-GA-----CA--T--A-
310 -A-----A--A--A--A--C-GA-----CA--T--A-
311 -GCT---A--A--T--C-G-G--C--C-----A-A-A-
312 --CTT---A--A--T--C-G-G--C--C-----AAA-A-
313 -GCT---A--A--T--C-G-G--C--C-----A-A-A-

```


61/71

SEQ ID

NO 3001

```

279 AAGGACCACTGGCCAGCAGCCAACCAGGTAGGAGTGGGAGCATTCTGGGCC
280 -----
281 -----
282 -----G-----
283 -----CA-----T-----
284 -----A-----G-ACT-----A-----G-----
285 -----A-----G-ACT-----A-----G-----
286 -----A-----G-AC---C-A-----G-----
287 -----A-----G-AC-----A-----G-----
288 -----T-GT-----AG-A-T-----C-----
289 -----T-GT-----AG-A-T-----C-----
290 -----T-----AG-A-T-A-----C-----AC-----
291 -----T-----AC-CA-T-A-----C-----AC-----
292 -----T-----AG-A-T-----C-----T-T-----
293 -----T-A-----AG-A-T-----C-----
294 -----T-T-----AG-A-T-----C-----
295 -----T-----AG-A-T-----C-----
296 -----T-T-----AG-A-T-----C-----T-----
297 -----T-----AG-A-G-----C-----
298 -----T-T-----AG-----T-----
299 -----T-----AG-A-T-----C-----
300 -----T-A-----AG-A-T-----C-----
301 -----AC-----AC-----A-----CT-----T-----
302 -----AC-----AC-----A-----CT-----T-----
303 -----AC-----AC-----A-AT-----CT-----56-----T-----
304 -----AC-----AC-----A-----CT-----T-----
305 -----AC-----AC-----A-----CT-----T-----
306 -----TC-----AC-----A-----CT-----T-----
307 -----AC-----AC-----A-----CT-----T-----
308 -----AC-----AC-----A-----CT-----T-----
309 -----A-----A-G-A-----A-----C-----
310 -----A-----A-A-----A-----
311 -----AGT-----ATG-A-A-----GC-A-T-----
312 -----ACT-----ATG-A-A-----GT-A-T-----
313 -----AGT-----ATG-A-A-----GC-A-T-----

```

SEQ ID

NO 3051

279 AAGGCTCACCCCTCCACACGGCGGTATTTTGGGGTGGAGCCCTCAGGCTC³³
280 -G-----
281 -G--T-----G-----
282 -G-----
283 -G--T---T-C-----A--G-----
284 GG-AT---T-A-C-T-G-AC-G-----A-----⁵⁸
285 GG-AT---T-A-C-T-G-AC-G-----A-----
286 -G-AT-----C-T-G-AC-G-----
287 -G--T-----C-T-G-AC-G-----
288 -G--TA-C---A-----C-----
289 -G--TA-C---A-----C-----
290 -G--T-----A-----C-----
291 -G--T-----A-----C-----
292 -G--T-----A-----A-CC-----
293 -G--T-----A-----C-----
294 -G--T-----A-----C-----G-----
295 -G--T-----A-----C-----
296 -G--T---T-A-----C-----
297 -G--T-----A-----CC-----
298 -G--T-----A-----C-----
299 -G--T-----A-----A-C-----C-----
300 -G--T-----A-----A-C-----A-----
301 GG-A-----A-G-----A-CC-----
302 GG-TT-----A-G-----A-CC-----
303 GG-A-----A-G-----A-CC-----
304 GG-TT-----A-G-----A-C-----
305 GG-TT-----A-G-----A-CC-----
306 GG-AT-----A-G-----A-CC-----
307 GG-AT-----A-----A-CC-----
308 GG-AT-----A-G-----A-CC-----
309 GG--T---T-C-----A-CC-----
310 TG--T---T-C-----A-CC-----
311 -G--T---A-C-----T-CC-GC-----A-----
312 -G--T---A-C-----T-CC-G-----A-----
313 -G--T---A-C-----T-CC-GC-----A-A-----

SEQ ID

NO 3101

279 AGGGCATATTGACCACAGTGTCAACAATTCCTCCTCCTGCCTCCACCAAT
280 -----
281 -----G-----C-----G-----
282 -A-----
283 -----G---C---C---G-G-G-----
284 -----C-C-A-T-C-⁵⁹GC-----
285 -----C-C-A-T-C-GC-----
286 -----C-C-AT-T-C-G-GC-----
287 -----C-C-C-A-T-C-G-GC-----
288 -----A-C-C-G-GCA-----
289 -----A-C-C-G-GCA-----
290 -----A-----C-G-GCG-----TT-----
291 -----C-----A-----C-G-GC-----
292 -----A---C-C-G-GCA-----
293 -----A-----C-G-GCA-----
294 -----G-----A-C-C-GT-GCA-----
295 -----A-----C-GT-GCA-----
296 -----A-----C-G-GCG-----T-----
297 -----C-----A-----C-G-GCG-----T-----
298 -----A-----C-G-GCG-----T-----
299 -----A-----C-G-GC-----T-----
300 -A-----A---C-C-G-GC-----
301 -----C-ACAG-C---C-G-A-G-----T-----
302 -----C-ACAA-TT-C-G-A-G-----
303 -----C-ACA---C---C-G-A-G-----T-----
304 -----C-ACAT-C---C-G-A-G-----T-----
305 -----C-ACAA-TT-C-G-A-G-----
306 -----C-ACAA-CT-C-G-A-G-----
307 -----C-AGAA-GT-C-G-A-G-----T-----
308 -----A-ACAA-CT-C-G-A-G-----A-T-----
309 -A-----GC-A-AA---T-C-G-GAC-G-----
310 -A-----GC-A-AA---T-C-G-GA---G-----
311 ---TG-T-A-A-CT-C-G-GA---G-----T-----
312 -A-TG-TC-A-A-CT-C-G-GA---G-----
313 -A-TG-G-A-A-CT-C-G-GA---G-----T-----

SEQ ID

NO 3151

279 CGGCAGTCAGGAAGGCAGCCTACTCCCATCTCTCCACCTCTAAGAGACAG
280 -----
281 -----
282 -----G-----A--
283 -----
284 -----T-----A-----C-G-----C
285 -----T-----A-----C-G-----C
286 -----C-----C-A-----G-----C
287 -----T-A-C-----G-----C
288 -----A-----
289 -----A-----
290 -----A-----
291 -----A-----54
292 -----A-----
293 -----A-----
294 -----A-----
295 -----A-----
296 -----A-----
297 -----A-----
298 -----A-----A-----
299 -----A-----G-----
300 -----A-----G-----
301 --C--A-----C-TC-G-----T-G-----C
302 --C-----C-TC-G-----T-G--A--C
303 --C--A-----A-----C-TC-G-----T-G-----C
304 --C-----C-TC-G-----T-G--A--C
305 --C-----C-TC-G-----T-G--A--C
306 --C-----A-----C-TC-G-----T-G--A--C
307 --C-----C-GC-G-----T-G--A--C
308 --C-----C-GC-G-----62T-G--A--C
309 -----C-A--A-----T-G-----C
310 -----C-A--A-----T-G-----C
311 ----T--C--G--A--A--C-AAG-----C
312 ----T--C--G--A--A--C--AG-----C
313 ----G--C--G--AA--A--C--AG-----C

65/71

SEQ ID

NO 3201

HBPr 3

Start HBpreS2Ag

279	TCATCCTCAGGCCATGCAGTGG
280	-----
281	-----
282	-----
283	-----
284	-----A-----
285	-----
286	-----
287	-----
288	-----
289	-----
290	-----
291	-----
292	-----
293	-----
294	-----
295	-----
296	-----
297	-----
298	-----
299	-----
300	-----
301	-----
302	-----
303	-----G-----
304	-----
305	-----
306	-----
307	-----
308	-----
309	-----
310	-----
311	A-----
312	A-----A-----A-----
313	A-----A-----A-----

Figure 2

LIPA HBV DESIGN

LIPA LINE	REGION	PURPOSE	PROBE SEQ ID NO	SEQUENCE
0		PENCIL LINE		
1		BIOTINYL. DNA		
2	PRES1	AMPL. CONTR.	33	CTGAGGGGCTCCACCCCA
3	PRES1	GENOTYPE A	22	AACCTCGCAAAGGCAT
4	PRES1	GENOTYPE A	50	CCCAGAGGGTTGGGAAC
	PRES1	GENOTYPE A	15	GCCAGCAGCCAACCAAG
5	PRES1	GENOTYPE B	57	CTGCATTCAAAGCCAACT
	PRES1	GENOTYPE B	58	CCCCATGGGGGACTGTTG
6	PRES1	GENOTYPE B	59	CATACTCACAACCTGTGCCA
7	PRES1	GENOTYPE C	55	TTCAACCCCAACAAGGATC
8	PRES1	GENOTYPE C	54	TCAGGAAGACAGCCTAC
9	PRES1	GENOTYPE D	92	TTCTGCCCCATGCTGTA
10	PRES1	GENOTYPE D	56	AATGCTCCAGCTCCTAC
11	PRES1	GENOTYPE D	73	TTCCACCAGCAATCCTC
12	PRES1	GENOTYPE E	60	GGGCTTTCTTGGACGGTCC
	PRES1	GENOTYPE E	61	CTCTCGAATGGGGGAAGA
	PRES1	GENOTYPE E	62	CCTACCCCAATCACTCCA
13	PRES1	GENOTYPE F	63	AGCACCTCTCTCAACGACA
14	PRES1	GENOTYPE F	64	GCAAATTCCAGCAGTCCCG
	PRES1	GENOTYPE F	65	GCCAATGGCAAACAAGGTA
15	PRECORE	PROMOTER	88	TAGGTTAAAGGTCTTTGT
16	PRECORE	PROMOTER	89	TAGGTTAATGATCTTTGT
17	PRECORE	SCAN CODON -2 to +3	12	AAGTTGCATGGTGCTG
18	PRECORE	SCAN CODON 1 to 5	34	ATGCAACTTTTTTCACC
19	PRECORE	SCAN CODON 5 to 9	13	CACCTCTGCCTAATCAT
20	PRECORE	SCAN CODON 12 to 17	45	TGTACATGTCCCACTGTT
21	PRECORE	SCAN CODON 12 to 17	46	TGTTCATGTCCTACTGTT
22	PRECORE	SCAN CODON 16 to 20	47	ACTGTTCAAGCCTCCAAG
23	PRECORE	SCAN CODON 19 to 23	48	GGCACAGCTTGGAGGCTT
24	PRECORE	SCAN CODON 23 to 27	49	AAAGCCACCCAAGGCACA
25	PRECORE	CODON 28 WT	9	TGGCTTTGGGGCATGG
26	PRECORE	CODON 28 MT	10	TGGCTTTAGGGCATGG
27	PRECORE	CODON 28+29 MT	42	TGGCTTTAGGACATGGA

Figure 4

GENOTYPING IN HBsAg

GENOTYPE	PROBE SEQ ID NO	SEQUENCE
A	193	GGA TCA ACA ACA ACC AGT
	140	CT CAA GGC AAC TCT ATG GG
	77	CTA CGG ATG GAA ATT GC
B	78	TAC GGA CGG AAA CTG C
C	153	CT CTA CTT CCA GGA ACA G
	154	C TGC ACG ATT CCT GCT
	204	CT TTC GCA AGA TTC CTA TGG G
D	165	AC TCT ATG TAT CCC TCC T
	208	GC TGT ACC AAA CCT TCG GAT
E	172	G GGA CCC TGC CGA AC
	213	AG TGG TTC GCC GGG CTG G
F	216	CA GGA TCC ACG ACC ACC AGG
	219	GC TGT TCC AAA CCC TCG GAG
	186	G CCA AAT CTG TGC AGC
A/B	148	CT TTC GCA AAA TAC CTA TG
C/D/E	80	CTT CGG ACG GAA ATT GC
E/F	177	ATG TTG CTG TTC AAA ACC TG

DRUG RESISTANCE IN RT POL GENE

GENOTYPE	PROBE SEQ ID NO	SEQUENCE	
A	115	TCA GCT ATA TGG ATG ATG	WILD TYPE
	116	TTC AGC TAT GTG GAT GAT	MUTANT
D	127	TC AGT TAT ATG GAT GAT G	WILD TYPE
	132	T TTC AGT TAT GTG GAT GAT	MUTANT

PRECORE REGION

GENOTYPE	PROBE SEQ ID NO	SEQUENCE	
	88	TAG GTT AAA GGT CTT TGT	PROMOTER WT
	89	TAG GTT AAT GAT CTT TGT	PROMPTER MT
	119	TGG CTT TGG GGC ATG	WT CODON 28
	10	TGG CTT TAG GGC ATG G	MT M2 CODON 28
	122	TGG CTT TGG GAC ATG G	MT M4 CODON 29
	42	TGG CTT TAG GAC ATG GA	MT M2/M4 CODON 28/29